

**IDENTIFIKASI MOLEKULER BAKTERI PADA SALIVA ANAK  
ANJING LIAR (*Canis lupus*)  
RAS HERDER**



Skripsi

Diajukan untuk Memenuhi Salah Satu Syarat Meraih Gelar Sarjana Sains Jurusan  
Biologi pada Fakultas Sains dan Teknologi  
UIN Alauddin Makassar

Oleh:

**ZULFIANA MACHMUD**

NIM. 60300114006

**FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI  
UIN ALAUDDIN MAKASSAR**

2018

## PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI

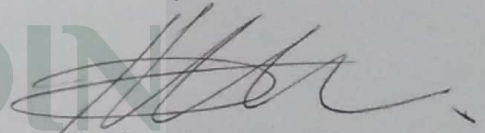
Mahasiswa yang bertandatangan di bawah ini:

Nama : Zulfiana Machmud  
NIM : 60300114006  
Tempat/Tgl.Lahir : Ujung Pandang/17 Mei 1996  
Jurusan/Prodi : Biologi/S1  
Fakultas : Sains dan Teknologi  
Instansi : Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar  
Judul : Identifikasi Molekuler Bakteri Pada Saliva Anak Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder

Menyatakan dengan sesungguhnya dan penuh kesadaran bahwa skripsi ini benar, adalah hasil karya sendiri. Jika di kemudian hari terbukti bahwa, ia merupakan duplikat, tiruan, plagiat, atau dibuat oleh orang lain, sebagian atau seluruhnya, maka skripsi dan gelar yang diperoleh karenanya batal demi hukum.

Gowa, 16 Agustus 2018  
Penyusun,

ALA UDDIN  
M A K A S S A R



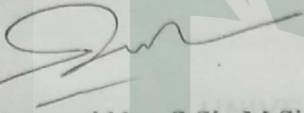
Zulfiana Machmud  
NIM: 60300114006

## PERSETUJUAN PEMBIMBING

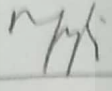
Pembimbing penulisan skripsi Saudara **ZULFIANA MACHMUD**, NIM: 60300114006, mahasiswa Jurusan Biologi pada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar, setelah meneliti dan mengoreksi dengan seksama skripsi berjudul, "Identifikasi Molekuler Bakteri Pada Saliva Anak Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder", memandang bahwa skripsi tersebut telah memenuhi syarat-syarat ilmiah dan dapat disetujui untuk diajukan ke sidang munaqasyah.

Demikian persetujuan ini diberikan untuk diproses lebih lanjut.

Gowa, 16 Agustus 2018



Dr. Fatmawati Nur, S.Si., M.Si  
Pembimbing II



Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes  
Pembimbing I

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI  
**ALAUDDIN**  
M A K A S S A R

## PENGESAHAN SKRIPSI

Skripsi yang berjudul “Identifikasi Molekuler Bakteri Pada Saliva Anak Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder”, yang disusun oleh Zulfiana Machmud, NIM: 60300114006, mahasiswa jurusan Biologi pada Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar, telah diuji dan dipertahankan dalam siding *munaqasyah* yang diselenggarakan pada hari Kamis, tanggal 16 Agustus 2018 M, bertepatan dengan 4 Dzulhijjah 1439 H, dinyatakan telah dapat diterima sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana dalam Ilmu Sains dan Teknologi, Jurusan Biologi (dengan beberapa perbaikan).

Gowa, 16 Agustus 2018 M.  
4 Dzulhijjah 1439 H.

### DEWAN PENGUJI:

Ketua : Prof. Dr. H. Arifuddin, M.Ag.  
Sekretaris : St. Aisyah Sijid, S.Pd., M.Kes.  
Munaqisy I : Eka Sukmawaty, S.Si., M.Si.  
Munaqisy II : Dr. Muh. Thahir Maloko, M. Th.I.  
Pembimbing I : Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes.  
Pembimbing II : Dr. Fatmawati Nur, S.Si., M.Si.

(.....)  
(.....)  
(.....)  
(.....)  
(.....)  
(.....)

Diketahui Oleh:

Dekan Fakultas Sains dan Teknologi  
UIN Alauddin Makassar,



Prof. Dr. H. Arifuddin, M.Ag.  
NIP. 19691205 199303 1 001



## KATA PENGANTAR

### بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Alhamdulillah puji syukur atas segala kenikmatan yang diberikan Allah swt. kepada seluruh makhluk-Nya terutama manusia yang bernaung di muka bumi ini. Kenikmatan yang berupa kesehatan, kesempatan merupakan suatu nikmat yang begitu besar yang patut untuk disyukuri. Kesyukuran ini, karena penulis masih diberikan kesehatan jasmani maupun rohani sehingga penulis mampu menyelesaikan skripsi ini, dengan judul “Identifikasi Molekuler Bakteri Pada Saliva Anak Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder”.

Shalawat dan salam semoga tetap tercurahkan kepada baginda Nabi besar Muhammad saw. Nabi yang telah diberikan wahyu dan Mukjizat oleh Allah berupa al-Qur'an yang akan tetap terjaga hingga akhir zaman. Dialah teladan bagi seluruh umatnya serta dialah pembawa risalah kebenaran dalam menuntun umatnya ke jalan keselamatan.

Penulis sepenuhnya menyadari akan banyaknya pihak yang berpartisipasi secara aktif maupun pasif dalam penyelesaian skripsi ini. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih yang sedalam-dalamnya kepada pihak yang telah membantu maupun yang telah membimbing, mengarahkan, memberikan petunjuk dan motivasi sehingga hambatan-hambatan yang penulis temui dapat teratasi.

Pertama-tama penulis menyampaikan ucapan terima kasih yang dalam dan tulus kepada kedua orang tua penulis yakni ayahanda Machmud dan ibunda Hj. Sutra

yang senantiasa merawat dan mendidik penulis dari kecil hingga sekarang. Terutama bagi ibu penulis semoga Allah senantiasa memberikan tempat terbaik. Penulis menyadari bahwa ucapan terima kasih penulis tidak sebanding dengan pengorbanan yang dilakukan oleh keduanya. Untuk ayahanda dan ibunda tercinta, pengertian, motivasi dan doa yang selalu engkau panjatkan senantiasa penulis ingat, kagumi dan hargai.

Selanjutnya, penulis sudah sepatutnya menyampaikan terima kasih kepada:

1. Bapak Prof. Dr. Musafir Pababari, M.Si., selaku Rektor Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar.
2. Bapak Prof. Dr. H. Arifuddin, M.Ag. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar. beserta Wakil Dekan I, II dan III, dan seluruh staf administrasi yang telah memberikan berbagai fasilitas kepada kami selama masa pendidikan.
3. Bapak Dr. Mashuri Masri, S.Si., M.Kes. selaku ketua jurusan Biologi serta penasehat akademik dan pembimbing I dalam penulisan skripsi yang telah meluangkan waktunya sehingga penulisan skripsi ini dapat terselesaikan, serta sekretaris Jurusan Biologi atas segala ilmu, petunjuk serta arahnya selama berkuliah di UIN Alauddin.
4. Ibu Dr. Fatmawati Nur, S.Si., M.Si selaku pembimbing II dalam penulisan skripsi yang senantiasa menyisihkan sedikit waktu-waktunya yang berharga untuk membimbing penulis. Saran-saran serta kritik-kritik mereka sangat bermanfaat dalam merampungkan skripsi ini.

5. Ibu Eka Sukmawaty, S.Si., M.Si selaku pembahas I, dan Bapak Dr. Muh. Thahir Maloko, M. Th. I. selaku pembahas II.
6. Bapak dan Ibu dosen dalam jajaran Fakultas Sains dan Teknologi UIN Alauddin Makassar yang selama ini telah mendidik penulis dengan baik, sehingga penulis dapat menyelesaikan pendidikannya pada tingkat perguruan tinggi.
7. Kepala Laboratorium dan para Laboran Biologi Fakultas Sains dan Teknologi yang senantiasa memberikan saya wadah dalam melakukan praktikum serta banyak pengenalan dan pengalaman dalam laboratorium.
8. Bapak dan ibu pegawai Laboratorium Mikrobiologi Rumah Sakit Pendidikan Universitas Hasanuddin (RSP UNHAS) yang senantiasa membimbing selama penelitian berlangsung.
9. Kepada Kak Ati Staf di Jurusan Biologi yang sangat membantu dalam penyelesaian tugas akhir penulis. Senantiasa meluangkan waktunya, baik dalam hal peminjaman buku, mengurus persuratan dan sebagainya.
9. Kepada kedua orang tua saya, Ibu dan Ayah yang telah mendidik saya, memberikan motivasi, senantiasa memberikan semangat dan doa'nya. Dukungan moral serta materi Sehingga penulis bisa menyelesaikan tugas akhir.
10. Kepada saudara dan saudari dari ibu dan ayah saya Tante, Paman, sepupu yang senantiasa memberikan semangat dan do'a kepada penulis sehingga dapat menyelesaikan tugas akhir.
11. Kepada Halik Hamid, S.Pt dan Leoni (pemilik Anjing) yang senantiasa rela berkorban memberikan dukungan, motivasi, semangat, doa dan segala bantuan

baik dari segi tenaga, pikiran terlebih dalam pengambilan sampel saliva anjing dan lainnya sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhir.

12. Saudara seperjuanganku Fitria Ramadana, Nirwana, Almik Agri Lestari dan Nurul Afriani Arif yang senantiasa berjuang sama-sama, saling memberikan motivasi sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhir.
13. Kepada teman se-Angkatan (LACTEAL) yang senantiasa memberikan semangat dan do'a kepada penulis sehingga dapat menyelesaikan tugas akhir.
14. Adik-adik mahasiswa jurusan Biologi 2015, 2016, dan 2017 serta para senior Biologi.
15. Teman-teman KKN-57 di Kabupaten Bantaeng, Kecamatan Sinoa, khususnya di Desa Bonto Tiro yang selalu memberikan dukungan, motivasi, semangat, dan doanya sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhirnya.
16. Serta semua pihak yang telah membantu dalam penulisan tugas akhir ini yang tidak dapat dituliskan satu persatu.

Ucapan terima kasih juga penulis sampaikan kepada kepala perpustakaan UIN Alauddin Makassar beserta staf-stafnya sehubungan dengan pengumpulan bahan-bahan untuk membuat skripsi ini.

Pada kenyataannya, walaupun menerima banyak bantuan dari berbagai pihak, pada dasarnya yang bertanggung jawab terhadap tulisan ini adalah penulis sendiri. Terakhir penulis harus sampaikan penghargaan kepada mereka yang membaca dan berkenan memberikan saran, kritikan atau bahkan koreksi terhadap kekurangan dan kesalahan yang pasti masih terdapat dalam skripsi ini. Semoga



dengan saran dan kritik tersebut, skripsi ini dapat diterima dikalangan pembaca yang lebih luas lagi di masa yang akan datang. Semoga karya yang sangat sederhana ini dapat bermanfaat bagi pembaca.

Gowa, 16 Agustus 2018 M.  
04 Dzulhijjah 1439 H.

Penyusun

Zulfiana Machmud  
60300114006



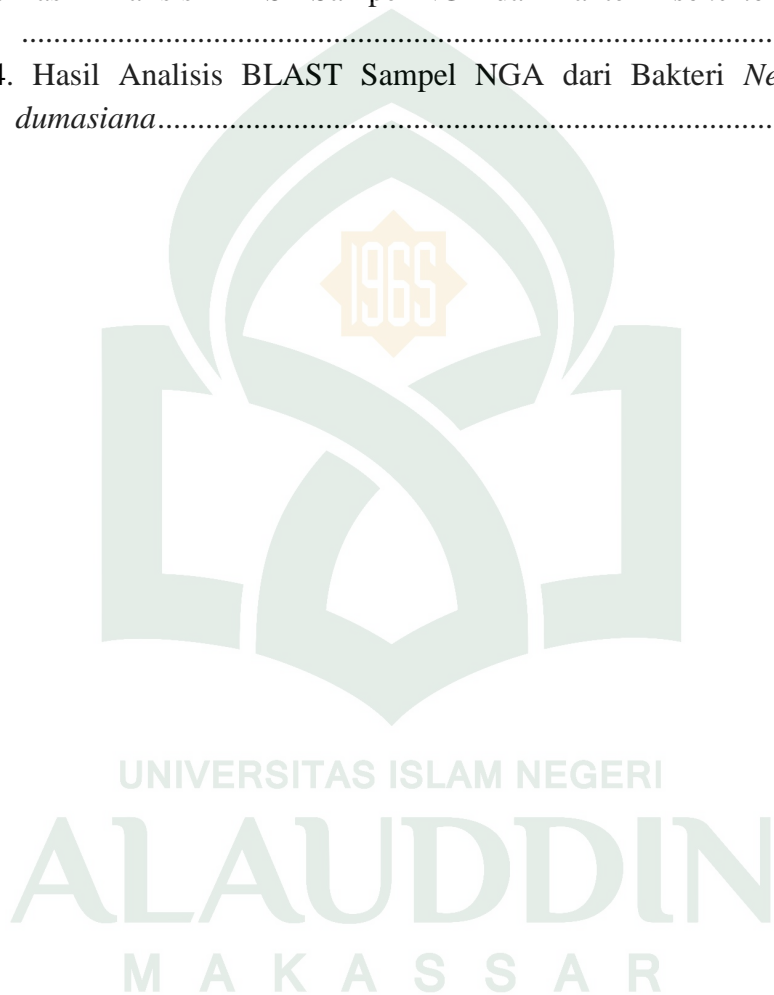
## DAFTAR ISI

JUDUL .....	i
PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI.....	ii
PERSETUJUAN PEMBIMBING.....	iii
PENGESAHAN SKRIPSI .....	iv
KATA PENGANTAR .....	v
DAFTAR ISI.....	vii
DAFTAR TABEL .....	ix
DAFTAR ILUSTRASI .....	x
ABSTRAK .....	xi
ABSTRACT .....	xii
 BAB I PENDAHULUAN.....	 1-10
A. Latar Belakang .....	1
B. Rumusan Masalah.....	8
C. Ruang Lingkup Penelitian .....	8
D. Kajian Pustaka.....	9
E. Tujuan Penelitian .....	10
F. Kegunaan Penelitian .....	10
 BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	 11-33
A. Ayat yang Relevan.....	11
B. Tinjauan Umum Anjing Liar ( <i>Canis lupus</i> ) Ras Herder .....	13
C. Tinjauan Umum Umur Anjing.....	18
D. Tinjauan Umum Air Liur Anjing.....	19
E. Tinjauan Umum Bakteri .....	21
F. Tinjauan Umum Identifikasi Molekuler .....	24
G. Tinjauan Umum tentang PCR ( <i>Polymerase Chain Reaction</i> ) .....	28
H. Kerangka Pikir .....	33
 BAB III METODOLOGI PENELITIAN .....	 34-42
A. Jenis dan Pendekatan Penelitian .....	34
B. Waktu dan Lokasi Penelitian .....	34
C. Populasi dan Sampel.....	34
D. Variabel Penelitian.....	35
E. Defenisi Operasional Variabel .....	35

F. Instrumen Penelitian (Alat dan Bahan) .....	35
G. Prosedur Kerja.....	37
<b>BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN .....</b>	<b>43-55</b>
A. Hasil Penelitian.....	43
B. Pembahasan.....	45
<b>BAB V PENUTUP.....</b>	<b>56-57</b>
A. Kesimpulan.....	56
B. Saran.....	56
<b>KEPUSTAKAAN .....</b>	<b>58-62</b>
<b>LAMPIRAN.....</b>	<b>63-74</b>
<b>DAFTAR RIWAYAT HIDUP.....</b>	<b>75</b>

## DAFTAR TABEL

Tabel 3.1. Komposisi Primer Mix.....	41
Tabel 4.1. Bakteri Hasil BLAST Sampel NGA .....	44
Tabel 4.2. Bakteri Hasil BLAST Sampel NGB .....	44
Tabel 4.3. Hasil Analisis BLAST Sampel NGA dari Bakteri <i>Escherichia coli</i> .....	49
Tabel 4.4. Hasil Analisis BLAST Sampel NGA dari Bakteri <i>Neisseria dumasiana</i> .....	54



## DAFTAR ILUSTRASI

Gambar 2.1. Anjing Liar ( <i>Canis lupus</i> ) Ras Herder .....	15
Gambar 2.2. Bentuk dan Susunan Bakteri .....	22
Gambar 2.3. Struktur Ribosom pada Prokariotik.....	26
Gambar 2.4. Ilustrasi amplifikasi pada PCR.....	31
Gambar 4.1. Hasil Sequencing Urutan Basa Nukleotida Sampel NGA .....	43
Gambar 4.2. Hasil Sequencing Urutan Basa Nukleotida Sampel NGB.....	44
Gambar 4.3. Perbandingan Urutan Basa Sampel NGA dengan <i>Escherichia coli</i> .....	50
Gambar 4.4. Perbandingan Urutan Basa Sampel NGA dengan <i>Neisseria dumasiana</i> .....	54



## ABSTRAK

**Nama** : ZULFIANA MACHMUD  
**NIM** : 60300114006  
**Judul Skripsi** : IDENTIFIKASI MOLEKULER BAKTERI PADA SALIVA ANAK ANJING LIAR (*Canis lupus*) RAS HERDER

---

Penelitian ini merupakan penelitian kualitatif dengan pendekatan eksploratif untuk mengetahui jenis bakteri pada saliva anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi bakteri yang terdapat pada saliva anak anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder umur 1,5 tahun. Identifikasi molekuler melalui tiga tahap utama yaitu ekstraksi, amplifikasi dan elektroforesis. Pengambilan sampel saliva menggunakan metode swab dan pot sampel yang diidentifikasi secara molekuler menggunakan PCR primer 16S rRNA yang dilanjutkan sampai tahap sekuensing. Hasil identifikasi molekuler saliva pada sampel penelitian ini didapatkan bakteri *Escherichia coli* yaitu strain PA45B, FORC 064, RM14715, 2015C-3905, 5CRE51, dan FORC 041, RM14715, CV839-06, PA45B, KSC207 chromosome, complete genome. Pada sampel (NGA), pada sampel (NGB) diperoleh bakteri *Neisseria dumassiana* strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.

**Kata kunci:** *Canis lupus*, saliva anjing, anak anjing, identifikasi molekuler

## ABSTRACT

**Nama** : ZULFIANA MACHMUD  
**NIM** : 60300114006  
**Judul Skripsi** : MOLECULAR IDENTIFICATION OF BACTERIA  
ON WILD PUPPY SALIVA (*Canis lupus*) HERDER  
RACE

---

This research is a qualitative research with an explorative approach to determine the type of bacteria in the Herder race aged 1,5 years. Molecular identification through three main stages, namely extraction, amplification and electrophoresis. Saliva samples were taken using swab and pot samples which were molecularly identified using 16S rRNA primary PCR which continued until sequencing stage. The results of molecular identification of saliva in the sample of this study obtained the bacteria *Escherichia coli* strain PA45B, FORC 064, RM14715, 2015C-3905, 5CRE51, dan FORC 041, RM14715, CV839-06, PA45B, KSC207 chromosome, complete genome. In samples (NGA), in the sample (NGB) obtained *Neisseria dumassiana* strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.

**Keywords:** *Canis lupus*, dog saliva, puppies, molecular identification.

# BAB I

## PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

Makhluk hidup yang ada di muka bumi adalah suatu ciptaan Allah swt. yang sangat bervariasi, baik itu hewan, manusia, tumbuhan. Lain halnya dengan dunia hewan yaitu anjing termasuk hewan mamalia yang sangat berisiko tinggi, baik itu anak anjing, remaja, maupun dewasa dapat menyebarkan suatu penyakit yang beranekaragam baik itu hewan liar lainnya maupun manusia. Dalam firman Allah swt. dalam QS al-Nahl/16:13 yang berbunyi:

وَمَا ذَرَأَ لَكُمْ فِي الْأَرْضِ مُخْتَلِفًا أَلْوَنُهُ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَةً لِّقَوْمٍ  
يَذْكُرُونَ ﴿١٣﴾

Terjemahnya:

Dan Dia (menundukkan pula) apa yang Dia ciptakan untuk kamu di bumi ini dengan berlain-lainan macamnya. Sesungguhnya pada yang demikian itu benar-benar terdapat tanda (kekuasaan Allah) bagi kaum yang mengambil pelajaran (Kementerian Agama RI, 2012).

Ayat di atas menjelaskan bahwasanya Allah swt. menciptakan makhluk hidup yang ada di muka bumi ini baik itu dari segi macam bentuk, ukuran, warna, dan lain hal sebagainya. Seperti halnya anjing. Secara garis besar, masalah anjing dalam fiqih islam terbagi menjadi dua masalah, yaitu; *kalbun mu'allam* (anjing yang terdidik) dan

*kalbun 'aqur* (anjing liar atau tidak terdidik). Ada beberapa sebutan tentang anjing sesuai karakter, kondisi, dan dimana ia hidup.

Pertama, anjing belang, yaitu anjing yang memiliki bulu yang berwarna belang-belang. Kedua, anjing geladak, yaitu anjing liar yang tidak dipelihara orang. Ketiga, anjing gembala, yaitu anjing yang telah dilati khusus untuk mengiring dan menjaga domba. Keempat, anjing hutan, yaitu anjing liar yang hidup di hutan seperti serigala dan sejenisnya. Kelima, anjing kampung, yaitu anjing yang hidup di dalam suatu perkampungan tetapi tidak dipelihara khusus. Keenam, anjing laut, yaitu binatang laut yang rupanya seperti anjing. Ketujuh, anjing sabun, yaitu anjing yang mempunyai warna bulu yang sangat putih dan bersih. Kedelapan, anjing tanah, yaitu binatang seperti jangkrik yang hidup di dalam tanah kepalanya besar dan keluarinya pada waktu malam. Kesembilan anjing gila yaitu anjing yang terkena penyakit gila, yaitu penyakit yang disebabkan oleh virus yang berasal dari gigitan anjing gila sangat berbahaya bagi manusia.

Kesemuanya ini diciptakan oleh Allah swt. beraneka ragam bentuk dan manfaatnya bermacam-macam pula. Semua makhluk yang ada di alam semesta ini Allah ciptakan tidak semata-mata hanya untuk melengkapi isi langit dan bumi. Tapi Allah menciptakan segala sesuatu untuk memberikan manfaat bagi semua makhluk-Nya. Di akhir ayat Allah menjelaskan bahwa sesungguhnya pada nikmat-nikmat yang telah diciptakan oleh Allah swt. beranekaragam itu terdapat tanda-tanda kekuasaan Allah bagi orang-orang yang mengambil pelajaran. Yaitu dengan memahami betapa besarnya nikmat Allah yang telah diberikan kepada mereka dan mensyukuri nikmat-

nikmat itu sebagaimana semestinya, serta memanfaatkan sesuai keperluan mereka menurut keridhaan Allah swt.

Anjing diklasifikasikan sebagai *Canis familiaris* oleh Linnaeus di tahun 1758. Tapi di tahun 1993, Lembaga Smithsonian dan Asosiasi Ahli Mamalia Amerika anjing ditetapkan sebagai subspecies serigala abu-abu *Canis lupus*. Anjing adalah mamalia karnivora yang telah mengalami domestikasi dari serigala sejak 15.000 tahun yang lalu atau mungkin sudah sejak 100.000 tahun yang lalu berdasarkan bukti genetik berupa penemuan fosil dan tes DNA (Susilo *et al*, 2005 dalam skripsi Hakim, 2008: 6).

Secara garis besar, masalah anjing dalam fiqih Islam terbagi menjadi dua masalah, yaitu: *kalbun mu'allam* (anjing yang terdidik) dan *kalbun 'aqur* (anjing liar atau tidak terdidik). Anjing peliharaan atau terdidik merupakan anjing yang terawat dan terurus mulai dari tempat tinggal, makanan, minuman, mandi, pemberian vaksin, serta pengobatan lainnya. Lain halnya dengan anjing liar atau tidak terdidik merupakan kebalikan dari anjing peliharaan, yang dimana anjing liar ini hanya memungut sisa-sisa makanan di sekeliling permukiman manusia mendapat lebih banyak makanan dibandingkan rekan-rekan satu kawanan yang masih liar dan takut pada manusia.

Dapat dilihat pada klasifikasi anjing menurut ukuran tubuhnya, seperti yang tertulis di stambum atau sertifikat untuk anjing ras yang diakui oleh AKSI (Asosiasi Kennel Seluruh Indonesia), ada tiga jenis ras atau trah, yaitu ras kecil, ras sedang, dan ras besar (Evans, 1993). Pasalnya, anjing trah kecil umur 12 bulan ke atas menurut keputusan FCI (*Federation Cynologique*



*International*) sudah matang kelamin dan dianggap dewasa. Lain halnya dengan herder yang termasuk trah besar dianggap dewasa ketika berumur di atas 2 tahun (Riady, 2005).

Telah diketahui secara umum bahwa anjing memegang peranan yang penting dalam permasalahan kesehatan masyarakat, baik dari segi sosio-ekonomi, maupun politik. anjing juga memegang peranan yang cukup penting sebagai faktor pembawa dan penyebar penyakit pada manusia dan hewan lainnya (Djokorda, 2012: 160).

Apabila anjing tidak dirawat dengan baik, maka akan berdampak buruk bagi kondisi kesehatan anjing dan dapat terserang penyakit yang disebabkan oleh bakteri, virus, jamur, protozoa, dan lain sebagainya. Ada beberapa penyakit anjing yaitu: *Canis Parvovirus* (CPV), Distemper, dan Rabies atau penyakit anjing gila. Sehingga dapat menyebabkan kematian. Penyakit ini lebih rentang terserang pada anak anjing dibandingkan dengan anjing dewasa. Hal ini didukung dalam penelitian (Kelly, 1979, Thompson *et. al.*, 1979) mengatakan bahwa infeksi CPV (*Canine Provirus*) tidak hanya menyerang saluran pencernaan tetapi juga menyerang jantung yang dapat berakibat kematian mendadak pada anak anjing.

Menurut hasil survey SMITH *et. al* (1980), menunjukkan bahwa 87% kasus CPV tipe enteritis terjadi pada anak anjing, makin tua umur anjing, klinis yang ditimbulkan tidak terlalu parah. Antibody dapat ditemukan pada semua umur anjing, tapi gejala klinis CPV tidak ditemukan pada anjing berumur 24 bulan. Namun berdasarkan diskusi dengan beberapa praktisi Veteriner di Jakarta dan Bogor, klinis CPV yang spesifik dan berakhir dengan kematian, dapat ditemukan pada anjing

berumur lebih 2 tahun. Telah dilaporkan dalam penelitian penyakit demodikosis atau penyakit kulit pada hewan penderita muda cenderung lebih sering terjadi yang dimulai dari umur 3-18 bulan, tanda klinis ditunjukkan dengan kejadian Alopecia, Arythema, Pyoderma, dan Seborrhoea dan dapat pula menyebabkan kematian. Menurut (Belot *et. al.*, 1984; Henfrey, 1990; Scott *et. al.*, 2001).

Anjing liar, anjing berburu, dan hewan lainnya walaupun dipelihara dengan baik belum tentu bebas dari serangan penyakit. Adapun salah satu kontak langsung dengan anjing yang dapat memudahkan mikroorganisme patogen berpindah ke manusia melalui sentuhan kulit, gigitan, urine, maupun air liur. Hal ini didukung hasil penelitian Sivakami dkk (2015), yang mengidentifikasi air liur dari *Thiruvottiyur, Chennai* menunjukkan bahwa air liur hewan tersebut mengandung beberapa patogen di antaranya yang paling umum yaitu *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermis*, *Streptococcus sp.*, *Escherichia coli*, *Corynebacterium sp.* Penelitian ini menggunakan air liur anjing dan hanya mengidentifikasi pada bakteri yang terdapat bakteri di dalamnya.

Anjing sebagai hewan yang senantiasa menjulurkan lidahnya diungkapkan oleh Allah swt. dal QS al-A'raaf/7:176 yang berbunyi:

وَلَوْ شِئْنَا لَرَفَعْنَاهُ بِهَا وَلَكِنَّهُ أَخْلَدَ إِلَى الْأَرْضِ وَاتَّبَعَ هَوَاهُ فَمَثَلُهُ كَمَثَلِ الْكَلْبِ إِنْ تَحْمِلْ عَلَيْهِ يَلْهَثْ أَوْ تَتْرُكْهُ يَلْهَثَ ذَلِكَ مَثَلُ الْقَوْمِ الَّذِينَ كَذَّبُوا بِآيَاتِنَا فَاقْصُصِ الْقَصَصَ لَعَلَّهُمْ يَتَفَكَّرُونَ ﴿١٧٦﴾

Terjemahnya:

Dan kalau Kami menghendaki, Sesungguhnya Kami tinggikan (derajat)nya dengan ayat-ayat itu, tetapi Dia cenderung kepada dunia dan menurutkan hawa nafsunya yang rendah, Maka perumpamaannya seperti anjing jika kamu menghalaunya diulurkannya lidahnya dan jika kamu membiarkannya Dia mengulurkan lidahnya (juga). demikian Itulah perumpamaan orang-orang yang mendustakan ayat-ayat kami. Maka Ceritakanlah (kepada mereka) kisah-kisah itu agar mereka berfikir (Kementerian Agama RI, 2012).

Menurut Tafsir al-Misbah (2012). Kata *yalhas* terambil dari akar kata *lahasa* yaitu terengah-engah, karena sulit bernafas seperti yang baru berlari cepat. Penggalan ayat ini mengutarakan sesuatu fenomena, yaitu bahwa anjing selalu menjulurkan lidah, saat dihalau maupun dibiarkan. Ini disebabkan karena anjing tidak memiliki kelenjar keringat yang cukup dan berguna untuk mengatur suhu badan sehingga anjing selalu merasa kepanasan terlebih ketika waktu teriknya matahari di siang hari. Karena itulah, untuk mengatur suhu badannya, anjing selalu menjulurkan lidah. Sebab, dengan cara membuka mulut yang biasa dilakukan dengan menjulurkan lidah, anjing dapat bernafas lebih banyak dari biasanya. Berbeda dengan manusia yang durhaka. dan tidak mau menerima ayat-ayat Allah, mereka bersikap demikian semat-mata karna memperturutkan hawa nafsunya.

Anjing hanya memiliki kelenjar saliva terbagi menjadi 2 bagian yaitu kelenjar saliva mayor (*parotid, mandibularis, sublingual, dan zygomaticus*), dan kelenjar saliva minor yang terdapat di daerah *ventral buccalis* (Peter 1997). Sekresi saliva distimulasi oleh *Nervus Facialis* (superior) dan *Nervus Glossopharyngeus* (inferior), keduanya dipengaruhi oleh sistem saraf simpatis (komposisi air liur) dan

parasimpatis (volume air liur). Sedangkan rangsangan terhadap sekresi saliva dipengaruhi oleh berbagai faktor, antara lain: panca indera (perasa, penciuman dan penglihatan), mekanik (*mastikasi*), iritasi atau infeksi, hormonal (*bradikinin*), dan obat (*atropin*) (Sjuhada, 2007 dalam skripsi Hakim, 2008: 1).

Dalam air liur terdapat kandungan protein enzimatis dan non-enzimatis, kalsium, fosfor, natrium, nitrogen, oksigen, karbondioksida dan sel epitel rongga mulut. Pada anjing air liur ini juga berfungsi sebagai media pembawa penyakit zoonosis yaitu rabies atau biasa disebut penyakit anjing gila yang disebabkan oleh virus Rabies yang berasal dari Genus *Lyssavirus*, Family *Rhabdovirus*, bersifat akut dan menyerang susunan syaraf pusat (Badan Karantina Pertanian, 2007 dalam skripsi Hakim, 2008).

Berdasarkan uraian di atas yang melatarbelakangi berbagai jenis penelitian penyakit anjing yang disebabkan oleh bakteri, virus, parasit, protozoa, dan lain sebagainya dapat dilihat pada berbagai umur. Namun, sampai saat ini belum diketahui tentang kemungkinan bakteri apa yang didapatkan pada umur anak anjing yang terdapat pada saliva atau air liur anjing. Maka dari itu, dilakukannya penelitian tersebut untuk melihat tingkat patogen terhadap manusia maupun di hewan liar lainnya.

Berdasarkan uraian di atas maka dilakukannya penelitian ini untuk melihat dan mengetahui bakteri yang terdapat pada saliva anak anjing tersebut.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang di atas maka yang menjadi rumusan masalah dalam penelitian ini adalah jenis bakteri apa yang ada pada saliva anak anjing (*Canis lupus*) ras Herder?

## **C. Ruang Lingkup Penelitian**

Adapun ruang lingkup pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. *Canis. lupus* dikenal sebagai jenis anjing liar. Anjing liar adalah jenis anjing yang tidak terawat, mulai dari makan, tempat tinggal, pemberian obat-obatan, dan lain-lain. Adapun anjing dalam penelitian ini yaitu anak Anjing ras Herder berumur 1,5 tahun merupakan anjing liar yang diperoleh di Samata *Integrated Farming System SIFS*, Gowa. Sampel saliva anjing liar (*C. lupus*) diperoleh dengan metode swab dan metode langsung sebanyak 5 ml.
2. Cara menggunakan metode swab yaitu menggunakan swab steril dan air liur mumi yang ditampung didalam pot sampel steril. Saliva adalah cairan biologis yang kompleks dan tidak berwarna pada oral yang terdiri atas campuran sekresi dari kelenjar saliva mayor (*glandula parotis, submandibularis, dan sublingualis*) dan kelenjar saliva minor (*glandula bukalis, glandula palatinalis, glandula lingualis dan glandula labialis*).
3. Uji molekuler merupakan pengujian yang dilakukan untuk mengetahui spesies bakteri yang terdapat pada air liur anjing (*C. lupus*) dengan menggunakan metode uji *Polymerase Chain Reaction* (PCR). *Polymerase Chain Reaction* (PCR) merupakan uji mikrobiologis yang lebih sensitif dibandingkan dengan metode konvensional. Teknik PCR ini lebih



akurat cepat, dan spesifik dengan menggunakan primer sebagai template (cetakan). Primer yang digunakan adalah primer 16S rRNA merupakan hal yang penting dalam proses translasi, salah satu bagian penyusun dari 30S. Primer 16S rRNA merupakan suatu jenis RNA yang terlibat dalam memproduksi protein

#### **D. Kajian Pustaka**

1. Wardahani (2017) dalam penelitiannya “Aktivitas Antibakteri Sabun Tanah Bantonit dan Kaolin Terhadap Bankteri Air Liur Anjing” mengatakan bahwa kontak langsung dengan anjing dapat memudahkan mikroorganisme patogen berpindah ke manusia melalui sentuhan kulit, gigitan, urin maupun air liur. Patogen yang ditularkan di antaranya bakteri: *Bartonella alastica*, *Brucella canis*, *Capnocytophaga canimorsus* (Stull dkk., 2005). Hal ini didukung hasil penelitian Sivakami dkk, yang mengidentifikasi air liur dari *Thiruvottiyur, Chennai* menunjukkan bahwa air liur hewan tersebut mengandung beberapa patogen di antaranya yang paling umum yaitu *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermis*, *Streptococcus* sp., *Escherichia coli*, *Corynebacterium* sp. (Sivakami dkk., 2015). Penelitian ini menggunakan air liur anjing dan hanya mengidentifikasi pada bakteri yang terdapat bakteri di dalamnya.
2. Penelitian Hakim (2008). Dengan judul penelitian “Tanah dan sabun tanah sebagai bahan antimikroba terhadap air liur anjing” dengan metode identifikasi molekuler pada tanah dan mikroorganisme pada air liur anjing. Dari hasil penelitian terdapat bakteri yang teridentifikasi pada air liur anjing yaitu bakteri

dari genus *Micrococcus* sp. Dengan struktur rata-rata soliter dan ada juga yang struktur bergerombol.

3. Komang (2012), dalam penelitiannya “Pengobatan Demodekosis pada Anjing Di Rumah Sakit Hewan Pendidikan Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga” mengatakan bahwa dari hasil penelitian anjing penderita Demodikosis di Rumah Sakit Hewan Pendidikan FKH Universitas Airlangga, dari 46 ekor anjing didapatkan penderita Demodikosis sebanyak 28 ekor berusia di bawah umur (< 1 Tahun) dan 18 ekor berusia di atas umur (> 1 Tahun) dengan menggunakan Uji Mikroskop. Diagnosis pada kasus demodekosis adalah dengan kerokan kulit yang agak dalam dari bagian tengah lesi, kemudian diberi tetesan KOH 10 % untuk diamati di bawah mikroskop. Apabila positif maka akan ditemukan parasit demodex yang bentuknya seperti wortel atau cerutu dengan ukuran 250-300  $\mu\text{m}$  x 400  $\mu\text{m}$ .

#### **E. Tujuan**

Adapun tujuan yang ingin dicapai dalam penelitian ini adalah untuk mengetahui jenis bakteri yang terdapat pada saliva anak anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder.

#### **F. Kegunaan Penelitian**

Adapun kegunaan atau manfaat penelitian ini yaitu manfaat yang diharapkan dari penelitian ini adalah :

1. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi kepada masyarakat luas tentang bakteri dan virus yang ada pada saliva anak anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder.

## BAB II

### TINJAUAN TEORITIS

#### **A. Ayat dan Hadis yang Relevan**

Dapat dilihat dalam kehidupan makhluk hidup seperti manusia, hewan dan tumbuhan sangat bergantung pada bakteri. Bakteri berguna dalam mendegradasi atau merombak sampah dan jasad mati. Bakteri juga berguna dalam mengubah komponen-komponen organik menjadi anorganik agar dapat diserap oleh tumbuhan. Bakteri merupakan organisme bersel tunggal yang dapat hidup bebas di lingkungan seperti di tanah, air dan sisa-sisa makhluk hidup serta di dalam tubuh manusia maupun hewan. Bakteri berukuran sangat kecil yaitu berkisar antara 0,2-1  $\mu\text{m}$  sehingga hanya dapat dilihat di bawah mikroskop. Di kehidupan normalnya atau di habitat alamiahnya mikroba sulit ditemukan dalam bentuk koloni sendiri. Mikroba ini pasti ditemukan dalam bentuk koloni yang hidup bersama-sama dengan koloni mikroba yang lainnya. Sebagaimana firman Allah swt. dalam QS al-Furqan/25:2 yang berbunyi:

الَّذِي لَهُ مُلْكُ السَّمَوَاتِ وَالْأَرْضِ وَلَمْ يَتَّخِذْ وَلَدًا وَلَمْ يَكُنْ لَهُ شَرِيكٌ فِي  
الْمُلْكِ وَخَلَقَ كُلَّ شَيْءٍ فَقَدَرَهُ تَقْدِيرًا ﴿٢﴾

Terjemahnya:

Yang kepunyaan-Nya-lah kerajaan langit dan bumi, dan Dia tidak mempunyai anak, dan tidak ada sekutu baginya dalam kekuasaan(Nya), dan Dia telah menciptakan segala sesuatu, dan Dia menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya. Maksudnya: segala sesuatu yang dijadikan Tuhan diberi-Nya perlengkapan-perengkapan dan persiapan-persiapan, sesuai dengan naluri,

sifat-sifat dan fungsinya masing-masing dalam hidup (Kementerian Agama RI, 2012).

Menurut tafsir Ibnu Katsir firman Allah: *Alladzii lahuu mulkus samaawaati wal ardii wa lam yattakhidz waladaw walam yakullahuu syariikun fil mulki* (“Yang kepunyaan-Nya lah segala kerajaan langit dan bumi, dan dia tidak mempunyai anak dan tidak ada sekutu bagi-Nya dalam kekuasaan-Nya.”) Allah sucikan dirinya dari memiliki anak dan sekutu. Lalu dia mengabarkan bahwa dia, *khalaqu kullu syai-in faqaddarahuu taqdiiran* (“Telah menciptakan segala sesuatu dan menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya.”). Artinya, segala sesuatu selain dia adalah makhluk (yang diciptakan) dan *marbub* (yang berada di bawah kekuasaan-Nya). Dialah pencipta segala sesuatu, *Rabb*; Raja dan Ilahnya. Sedangkan segala sesuatu berada di bawah kekuasaan aturan, tatanan dan takdirnya (Ibnu Katsir, 2002).

Berdasarkan ayat dan tafsir dalam QS al-Furqan/25:2 tentang kaitannya dengan materi tersebut yaitu sebagaimana Allah swt. menjelaskan bahwa maksud dari kepunyaan kerajaan langit dan bumi, tidak ada sekutu baginya, menciptakan segala sesuatu serta menetapkan ukuran-ukurannya dengan serapi-rapinya yaitu sama halnya Allah telah menciptakan berbagai macam makhluk hidup di bumi ini mulai dari yang bisa dilihat dengan mata sampai yang kasat mata. Itu merupakan tanda-tanda kekuasaan Allah. Misalnya bakteri yang merupakan makhluk hidup mikroskopis yang diciptakan oleh Allah yang tidak hanya memberikan dampak negatif yaitu menghasilkan racun bagi serangga tetapi juga memberikan dampak positif. Sebagaimana bakteri juga merupakan organisme yang termasuk ke dalam domain

prokariota dan berukuran sangat kecil (mikroskopik). Sekelompok bakteri dikenal sebagai mikoplasma, ukurannya khas amat kecil. Demikian kecilnya sehingga tidak kelihatan di bawah mikroskop cahaya. Mereka juga pleomorfik yaitu morfologinya amat beragam. Ukurannya berkisar dari 0,1 sampai 0,3 mm. memang sukar untuk memahami bakteri yang ukurannya sangat kecil itu dari segi kuantitatif. Sehingga memberikan gambaran yang memperlihatkan peningkatan jumlah sel yang berbeda-beda, dan bentuk koloni sendiri. Itulah bukti dari kepunyaan Allah swt. yang ada di langit dan di bumi.

#### **B. Tinjauan Umum Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder**

Anjing adalah salah satu mamalia karnivora yang telah mengalami domestikasi dari serigala sejak 15.000 tahun yang lalu atau mungkin sudah sejak 100.000 tahun yang lalu berdasarkan bukti genetik berupa penemuan fosil dan tes DNA. Pada penelitian mengungkap sejarah domestikasi anjing yang belum begitu lama. Anjing telah berkembang menjadi ratusan ras dengan berbagai macam variasi, mulai dari anjing tinggi badan beberapa puluh cm seperti Chihuahua hingga Irish Wolfhound yang tingginya lebih dari satu meter. Dapat dilihat warna bulu anjing bisa beraneka ragam, mulai dari putih sampai hitam, juga merah, abu-abu dan coklat. Selain itu, anjing memiliki berbagai jenis bulu, mulai dari yang sangat pendek hingga yang panjangnya bisa mencapai beberapa sentimeter. Bulu anjing bisa lurus atau keriting, dan bertekstur kasar hingga lembut seperti benang wol (AKC, 1992 dalam skripsi Hakim, 2008: 4).

Anjing (*Canis lupus familiaris*) dalam penelitian sistematika molekuler menunjukkan bahwa anjing merupakan keturunan dari satu atau lebih populasi serigala liar (*Canis lupus*). Seperti



bisa dilihat dari tata nama (nomenklatur) untuk anjing, leluhur anjing adalah serigala. Anjing juga bisa kawin silang dengan serigala (Yuslina, 2013).

Anjing diperkirakan juga masih merupakan keturunan Serigala. Walaupun semua serigala termasuk dalam spesies *Canis lupus*, di seluruh dunia terdapat (atau pernah ada) berbagai subspecies serigala yang berbeda penampilan, ciri fisik, dan struktur sosial. Serigala Jepang yang sudah punah dan *Canis lupus lycaon* asal Amerika Utara memiliki warna bulu, teknik berburu, dan struktur sosial yang berbeda (Yuslina, 2013).

Dapat diketahui bahwa domestikasi anjing liar dapat berlangsung dalam satu atau dua generasi manusia bila dilakukan pembiakan selektif yang disengaja. Domestikasi anjing awalnya didorong motif saling menguntungkan oleh kedua belah pihak. Anjing liar yang memungut sisa-sisa makanan di sekeliling permukiman manusia mendapat lebih banyak makanan dibandingkan rekan-rekan satu kawanan yang masih liar dan takut pada manusia. Anjing liar yang kebetulan menyerang manusia purba atau anak-anaknya kemungkinan diusir atau dibunuh, sedangkan anjing liar yang bersahabat dengan manusia selamat. Manusia purba memanfaatkan anjing untuk mengusir hewan liar pengganggu manusia. Indera anjing yang tajam menjadikan anjing bertugas sebagai penjaga manusia dari kedatangan hewan pemangsa yang selalu mengincar (Yuslina, 2013).

Dapat dilihat pada klasifikasi anjing menurut ukuran tubuhnya, seperti yang tertulis di stambum atau sertifikat untuk anjing ras yang diakui oleh AKSI (Asosiasi Kennel Seluruh Indonesia), ada tiga jenis ras atau trah, yaitu ras kecil, ras sedang, dan ras besar. Untuk anjing yang termasuk ke dalam ras kecil yaitu: beagle, chihuahua, maltase, pug, pomerian, dan lain-lain. Untuk anjing yang termasuk ke dalam ras sedang antara lain american pitbull terrier, siberian husky, chow chow, dan lain-lain.

Sedangkan untuk anjing yang termasuk ke dalam ras besar antara lain afghan hound, alaskan malamute, anjing gembala jerman, golden retriever, dan lain-lain (Evans, 1993).

Anjing gembala jerman merupakan anjing pekerja Jerman merupakan anjing paling banyak dikenal dan digemari orang seluruh pelosok dunia, sedangkan di Indonesia dikenal dengan istilah anjing Herder (*Canis lupus*).

1. Menurut Buku Taksonomi Vertebrata, anjing dapat diklasifikasikan sebagai berikut :

Kingdom	: Animalia
Filum	: Chordata
Classis	: Mamalia
Ordo	: Canidae
Genus	: Canis
Species	: <i>Canis lupus</i> (Bayu Rosadi, 2014).



**Gambar 2.1.** Anjing Liar (*Canis lupus*) Ras Herder (Dokumentasi Pribadi, 2017).

Dalam Neoteni anjing menurut (American Kennel Club, 1992 dalam penelitian Abdullah, 2008) adalah:

- a. Anjing gembala penjaga hewan ternak menunjukkan sifat-sifat anjing pemburu, namun secara terkendali. Anggota kelompok ini seperti Border collies, Belgian Malinois dan German shepherd sedangkan Welsh corgi, Canaan, dan Australian cattle bertindak lebih agresif sewaktu menggembalakan ternak.
- b. Anjing pemburu (gun dog atau bird dog) merupakan teman manusia sewaktu berburu. Anjing pointing breed (penunjuk lokasi buruan), setter (pencari hewan buruan), spaniel dan retriever (pemungut buruan).
- c. Anjing pelacak (Scenthound) tetap mempunyai ukuran tubuh sedang dan pola tingkah laku membuntuti mangsa dengan cara mengikuti jejak baunya. Anjing yang termasuk ke dalam kelompok ini adalah Beagle, Bloodhound, Basset Hound, Coonhound, Dachshund, Fox Hound, Otter Hound, dan Harrier.
- d. Sighthound merupakan anjing yang mengejar dan menyerang segala mangsa yang terlihat. Anjing yang termasuk ke dalam kelompok ini tetap mempertahankan bentuk fisik anjing dewasa, dengan ciri fisik khas seperti dada sempit dan tubuh yang langsing. Tapi anjing jenis ini sudah tidak lagi memiliki daun telinga tegak dan bulu dua lapis mirip mantel seperti yang dimiliki serigala. Afghan, Borzoi, Saluki, Sloughi, Pharaoh Hound, Azawakh, Whippet, dan Greyhound termasuk ke dalam kelompok ini.

- e. Jenis Mastiff yang bertubuh besar dan tinggi, memiliki bagian dada yang besar seperti d~mtu,l ang yang besar dan tengkorak yang tebal. Kelompok anjing ini secara tradisional dibiakkan untuk perang dan anjing penjaga.
- f. Jenis Bulldog yang berukuran tubuh sedang, dibiakkan untuk berkelahi melawan hewan peliharaan lain atau binatang liar. Anjing jenis ini memiliki tengkorak persegi, tulang yang besar, bahu yang lebar, dan berotot kuat.
- g. Jenis Terrier memiliki sifat agresif dan kurang tunduk pada anggota kawanan yang lebih senior. Kelompok ini memiliki ciri fisik anjing dewasa seperti telinga tegak, walaupun jenis yang disenangi kebanyakan berukuran tubuh kecil dan memiliki kaki yang pendek, sehingga anjing jenis ini bisa mengejar mangsa yang berada di dalam liang.

Selain anjing penjaga, adapun fungsi dan tugas anjing berbeda antara anjing yang satu dengan anjing yang lain, yakni tergantung pada kelebihan dan kekurangannya. Yaitu: ada anjing penuntun orang buta (*Guide dog*), anjing pendengar (*hear dog*), anjing pemburu (*hunt dog*), anjing penjaga (*watch dog*), anjing tempur (*war dog*), anjing pengirim berita (*news dog*), anjing polisi (*police dog*), anjing pelacak narkoba (*narco dog*), anjing pelacak bom atau bahan peledak (*explo dog*), dan anjing SAR (*SAR dog*) (Sianipar, dkk., 2004).

Tugas anjing penjaga biasanya dilakukan oleh anjing trah besar seperti Rottweiler, Doberman, Pit bull, Herder, atau Belgian melanois. Sedangkan anjing tempur dilakukan oleh anjing, seperti German shepherd (Gembala Jerman). German shepherd (Gembala Jerman atau dikenal dengan herder merupakan anjing paling

unggul melaksanakan tugas dalam perang. Pada tahun 1946 anjing ini dinobatkan War Departement Amerika Serikat sebagai US Army Dog (Hatmosrojo, dkk., 2008).

## 2. Ciri Fisik Anjing (*Canis lupus*)

Teori Menurut Yuslina (2013), Anjing ras sangat bervariasi dalam ukuran, penampilan dan tingkah laku dibandingkan dengan hewan peliharaan yang lain. Sebagian besar anjing masih mempunyai ciri-ciri fisik yang diturunkan dari serigala. Anjing adalah hewan pemangsa dan hewan pemakan bangkai, memiliki gigi tajam dan rahang yang kuat untuk menyerang, menggigit, dan mencabik-cabik makanan. Ciri-ciri khas dari moyang serigala masih bertahan pada anjing, walaupun penangkaran secara selektif telah berhasil mengubah bentuk fisik berbagai jenis anjing ras.

Anjing memiliki otot yang kuat, tulang pergelangan kaki yang bersatu, sistem kardiovaskuler yang mendukung ketahanan fisik serta kecepatan berlari, dan gigi untuk menangkap dan mencabik mangsa. Bila dibandingkan dengan struktur tulang kaki manusia, secara teknis anjing berjalan berjingkat dengan jari-jari kaki.

## C. *Umur Anjing*

Umur harapan hidup anjing kini sudah semakin meningkat. Bila dulu hanya sampai 8-10 tahun, sekarang hidup anjing dapat mencapai 18-20 tahun. Dengan demikian, umur harapan hidup anjing sudah mengalami peningkatan sekitar 10 tahun. Semua ini berkat perkembangan ilmu kedokteran hewan, penemuan berbagai obat, dan pencegahan penyakit dengan vaksinasi, adanya peningkatan mutu makanan untuk

anjing, serta peliharaan yang baik oleh pemeliharanya. Perlu diketahui juga bahwa umur anjing berukuran kecil, seperti terrie lebih lama dibandingkan anjing berukuran besar misalnya great dane (Sanusi, 2005).

Perkumpulan Kinologi Indonesia (Perkin) sebagai salah satu organisasi kinologi di Indonesia yang memiliki banyak anggota yang merupakan pemilik anjing. Perkin secara formal bernaung di bawah *Federation Cynologique International* (FCI). Oleh karena itu, penilaian atau kualifikasi yang digunakan Perkin mengacu pada standar yang ditetapkan oleh FCI (Riady, 2005).

Ada standar resmi yang ditetapkan oleh FCI untuk masing-masing trah dan berbeda satu sama lain. Standar tersebut mencakup tampilan anjing secara umum, ukuran, proporsi badan, kepala, struktur gigi, warna, bulu, temperamen, dan detail lainnya. Pasalnya anjing trah kecil umur 12 bulan ke atas menurut keputusan FCI sudah matang kelamin dan dianggap dewasa. Lain halnya dengan Herder yang termasuk trah besar dianggap dewasa ketika berumur di atas 2 tahun (Riady, 2005).

#### **D. Air Liur Anjing**

Yang termasuk air liur anjing dihasilkan oleh kelenjar saliva yang termasuk di dalam aksesoris sistem digestivus (*apparatus digestorius*). *Apparatus digestivus* terdiri dari rongga mulut, *pharynx*, *alimentary canal* dan kelenjar aksesorius. Kelenjar aksesorius terdiri dari gigi, lidah, kelenjar ludah, hati, *gallbladder*, pankreas dan kantung anal (Evans, 1993 dalam skripsi Hakim, 2008).

Dengan demikian kelenjar saliva terbagi menjadi 2 bagian yaitu kelenjar saliva mayor yang terdiri dari kelenjar parotid, mandibular, sublingual dan kelenjar zygomaticus, sedangkan kelenjar saliva minor terdapat pada daerah *ventral buccalis*. Kelenjar saliva mayor berfungsi mengeluarkan saliva pada saat anjing sedang mengunyah sehingga makanan yang dikunyah akan terbentuk menjadi bolus dan kemudian di lubrikasi dengan air liur tersebut sehingga memudahkan proses penelanan makanan. Sedangkan fungsi dari kelenjar saliva minor adalah sebagai penunjang kelenjar saliva mayor (Peter C 1997). Sekresi saliva distimulasi oleh *N. Facialis* (superior) dan *N. Glossopharyngeus* (inferior), keduanya dipengaruhi oleh sistem saraf simpatis (komposisi air liur) dan parasimpatis (volume air liur). Sedangkan rangsangan terhadap sekresi saliva dipengaruhi oleh berbagai faktor, antara lain: panca indera (perasa, penciuman dan penglihatan), mekanik (mastikasi), iritasi atau infeksi, hormonal (bradikinin), dan obat (atropin) (Sjuhada 2007).

Kandungan yang terdapat di dalam air liur anjing yaitu kandungan protein enzimatik dan non-enzimatik, kalsium, fosfor, natrium, nitrogen, oksigen, karbondioksida dan sel epitel rongga mulut. Pada anjing air liur ini juga berfungsi sebagai media pembawa dari penyakit zoonosis yaitu rabies atau biasa disebut penyakit anjing gila yang disebabkan oleh virus Rabies yang berasal dari Genus *Lyssavirus* Family Rhabdovirus, bersifat akut dan menyerang susunan syaraf pusat (Badan Karantina Pertanian, 2007).



### **E. Tinjauan Umum Bakteri**

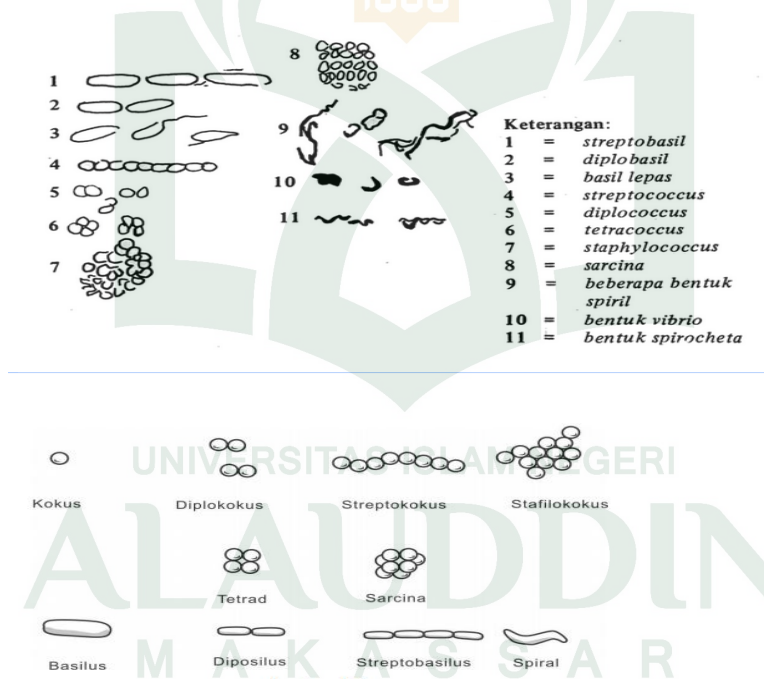
Menurut Adam (1992), Istilah bakteri berasal dari kata: “Bakterion” (bahasa Yunani) yang berarti tongkat atau batang. Istilah bakteri ini sekarang banyak dipakai untuk tiap mikroba yang bersel satu. Banyak Negara di dunia belum sepakat dalam klasifikasi spesies bakteri, demikian pula penggunaan istilah dalam Mikrobiologi.

Mikroiologi berasal dari kata Yunani: *micro*= kecil atau renik, *bio*= hidup atau kehidupan, dan *logos*= ilmu atau pikiran. Jadi, Mikrobiologi merupakan ilmu pengetahuan tentang makhluk hidup yang kecil atau jasad-jasad renik. Istilah lain yang digunakan selain makhluk hidup yang kecil atau renik ialah mikroorganisme, mikroba, asal kata *micro*= kecil, *ba*= *bio*= hidup). Protista (jasad atau organisme yang serendah-rendahnya hanya terdiri 1 sel.

Menurut taksonomi, bakteri adalah makhluk bersel tunggal yang dikategorikan ke dalam kerajaan Monera, filum *Eubacteria* dan kelas *Schizomutaceae*. Kelas di atas, kemudian dibagi menjadi beberapa ordo. Bakteri yang penting dalam bidang pangan umumnya termasuk ke dalam ordo *Eubacteriales* dan *Pseudomonadales*. Penggolongan selanjutnya umumnya didasarkan pada bentuk, ukuran, susunan (arrangement), pewarnaan Gram, motil (dapat bergerak) tidaknya, ada tidaknya endospora, dan penampakannya sebagai koloni pada medium buatan atau bahan pangan (Fardiaz, 1989).

Bakteri adalah sel prokariotik yang sangat kecil, berdiameter antara 0.2 - 3.0 mm, sedangkan yang berbentuk batang berukuran 0.5-15 mm. Tiga bentuk dasar bakteri, yaitu bulat atau *kokus* (jamak = *koki*), batang atau *basilus* (jamak = *basili*)

dan *spiral*. Pada umumnya bakteri berbentuk kokus bisa tersusun membentuk pasangan (*diplokoki*), kelompok yang terdiri dari empat sel (*tetrad*), kelompok yang terdiri dari delapan sel (*sarcina*), rantai (*streptokoki*), dan bergerombol, seperti anggur (*stafilokoki*). Bakteri berbentuk batang juga bisa menyusun diri membentuk pasangan (*diplobasili*), atau rantai (*streptobasili*). Bakteri berbentuk spiral bisa berupa batang pendek, seperti koma dan disebut vibrio, ada yang membentuk heliks dan disebut spirila dan ada yang bergerak dengan cara merentang (*flexing*) dan bergoyang (*wiggling*) yang disebut *spirokhet*.



**Gambar 2.2.** Bentuk dan Susunan Bakteri

- Bentuk Basil: lebar  $0,3\ \mu$  -  $1\ \mu$ , panjang  $1,5\ \mu$  -  $4\ \mu$ , kadang-kadang sampai  $8\ \mu$ .
- Bentuk Coccus: ukuran tengahnya rata-rata  $1\ \mu$ .

- Bentuk Spiral: lebar  $0,5\ \mu$  -  $1\ \mu$ , panjang  $2\ \mu$  -  $5\ \mu$ , kadang-kadang sampai  $10\ \mu$ .
- Bentuk Vibrio: lebar  $0,5\ \mu$ , panjang jampai  $3\ \mu$ .
- Bentuk Spirocheta: lebar  $0,2\ \mu$  -  $0,7\ \mu$ , panjang  $5\ \mu$  -  $10\ \mu$

Flafellata atau flagel berasal dari kata flagellum, yang berarti bulu atau cambuk. Adapun klasifikasi flagel, seperti:

- Monotrichate (Monotrika)= Bila flagel (bulu getar) hanya terdapat pada satu sisi (ujung) saja.
- Amphitrichate (Amfitrika)= Bila flagel (bulu getar) terdapat pada kedua sisi (ujung) sisi.
- Lophotrichate (Lopfotrika)= Bila flagel (bulu getar) pada sisi (ujung banyak).
- Peritrichate (peritrika)= Bila flagel (bulu getar) tersebar pada ujung ke ujung sampai pada setiap sisi.
- Non- Motil atau Atrichate (Atrika)= Pada spesies tersebut tidak terdapat sama sekali flagel (bulu getar).

Ada beragam jenis bakteri, salah satunya adalah kelompok patogenik. Untuk memahami kelompok bakteri yang satu ini, bisa dimulai dari istilah “patogenik” itu sendiri. Secara harfiah, istilah ini mengakar pada bahasa Yunani kuno yang berarti penyebab penderitaan. Jadi secara sederhana, bakteri patogen bisa diartikan sebagai jenis bakteri yang menjadi sumber penderitaan. Dalam kajian yang lebih lengkap,

bakteri patogen adalah jenis-jenis bakteri yang menjadi biang penyakit pada makhluk hidup. Bakteri patogen ini bekerja dengan cara menginfeksi organisme dan sebagai akibatnya, muncul gejala-gejala abnormal yang kita kenali sebagai tanda-tanda penyakit. Sebagian dari bakteri patogen ini tidak terasa di tubuh, namun tak jarang pula yang menyebabkan penyakit serius semacam HIV, SARS, Flu Burung dan masih banyak lagi lainnya (Irianto, 2006).

#### **F. Tinjauan Umum Identifikasi Molekuler**

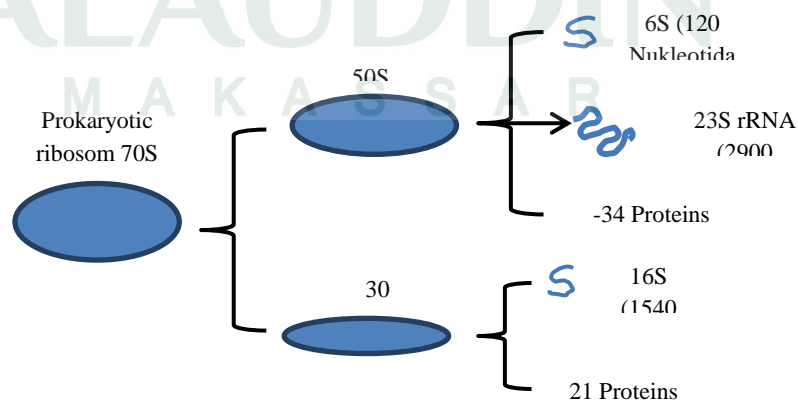
Material genetic yang diturunkan dari generasi ke generasi berikutnya disebut DNA. Gen disusun oleh substansi yang disebut dengan DNA (Muladno, 2002).

DNA juga merupakan bahan penyusun gen makromolekul yang terdiri atas dua rangkaian nukleotida yang tersusun secara linear. Kedua rangkaian tersebut berbentuk seperti tali berpilin (*double helix*) (Muladno, 2002). DNA tersusun dari tiga komponen yaitu asam fosfat, gula, dan basa nitrogen. Gula penyusun DNA adalah gula pentose, mengandung lima atom karbon C dan berbentuk rantai lurus serta dapat pula berbentuk cincin. Basa nitrogen ini ada dua jenis yaitu dari golongan purin dan pirimidin. Basa nitrogen golongan purin terdiri atas Guanin (G), dan Adenin (A), sedang golongan Pirimidin adalah Sitosin/ *Cytosine* (C) dan Timin (T). walaupun ada empat macam tetapi satu molekul gula hanya akan mengikat salah satu jenis basa nitrogen saja (Irawan, 2008).

DNA dapat berfungsi untuk menyimpan informasi genetic secara lengkap yang diperlukan untuk mencirikan struktur semua protein dan RNA tiap-tiap spesies, untuk membuat program pada saat yang tepat untuk menempatkan biosintesis sel dan komponen jaringan secara teratur dan untuk menentukan kekhususan organisme tertentu (Lehninger, 1994).

rRNA (ribosomal RNA) merupakan salah satu jenis molekul dari tiga jenis molekul RNA hasil transkripsi (tRNA, mRNA dan rRNA). rRNA dan protein ribosomal membentuk suatu kompleks menjadi partikel ribonukleoprotein yang disebut ribosom. Ribosom inilah yang berperan dalam sintesis protein (Gaffar, 2007 dalam Arham, 2015).

Pada ribosom organisme prokariotik merupakan organ sel berukuran 70S dan terdiri dari 2 subunit besar dan kecil berukuran 30S dan 50S, dimana huruf S menyatakan konstanta Svedberg yaitu satuan koefisien sentrifugasi (Gambar 2.2). Subunit 30S mengandung rRNA berukuran 16S dan protein sebanyak 21 buah. Sedangkan subunit 50S mengandung rRNA berukuran 5S dan 23S serta protein sebanyak 34 buah (Wulandari, 2011).



**Gambar 2.3.** Struktur ribosom pada prokariot (Sumber: Usml, 2012 dalam Arham, 2015)

Dapat dilihat di antara ketiganya, 16S rRNA merupakan rRNA yang paling sering digunakan untuk mengidentifikasi bakteri, karena panjang basanya ideal yaitu 1540 nukleotida sehingga informasi genetik yang dimilikinya cukup banyak dan lebih mudah diolah (Madigan et al., 1997 dalam Arham, 2015). Molekul 5S rRNA memiliki urutan basa terlalu pendek yaitu 120 nukleotida, sehingga tidak ideal dari segi analisis statistika, sementara itu molekul 23S rRNA memiliki struktur sekunder dan tersier yang cukup panjang yaitu sekitar 2900 nukleotida, sehingga sulit untuk dianalisis (Pangastuti, 2006).

Identifikasi menggunakan molekul yang dikode 16S rRNA dikarenakan beberapa alasan yaitu: (1) bersifat universal pada kelompok organisme prokariotik; (2) urutan nukleotidanya bersifat konservatif dan variatif; (3) jumlahnya melimpah dalam sel; (4) memenuhi ukuran untuk perhitungan statistika (tidak terlalu panjang dan tidak terlalu pendek); (5) ketersediaan informasi (data bank/database di GenBank) (Madigan *et al.*, 2008). Molekul 16S rRNA memiliki beberapa daerah yang memiliki urutan basa yang relatif konservatif dan beberapa daerah urutan basanya variatif. Perbandingan urutan basa yang konservatif berguna untuk mengkonstruksikan pohon filogenetik universal karena mengalami perubahan relatif lambat dan mencerminkan kronologi evolusi bumi. Sebaliknya, urutan basa yang variatif dapat digunakan untuk melacak keragaman dan menempatkan galur-galur dalam satu spesies (Pangastuti, 2006).

Berdasarkan identifikasi bakteri dengan 16S rRNA dilakukan dengan melihat perbandingan urutan basa yang konservatif. Jika urutan basa memiliki persamaan yang tinggi maka strain dapat dimasukkan dalam satu spesies yang sama. Hasil analisis BLASTn terhadap gen 16S

rRNA yang mempunyai homologi urutan kurang dari 98% menunjukkan bahwa spesies yang dibandingkan merupakan spesies berbeda, homologi antara 93-95% menunjukkan bahwa spesies yang dibandingkan berada pada genus yang berbeda dan homologi antara 89-93% menunjukkan spesies yang dibandingkan berada pada famili yang berbeda. Data urutan basa dari berbagai spesies mikroba telah dikumpulkan dalam sebuah database yang dapat diakses. Kumpulan data spesies tersebut memuat data klasifikasi, diagnosa dilakukan analisis berdasarkan perasamaan urutan basa menggunakan jarak matrik, metode yang sering digunakan adalah *Multiple Sequence Alignment* (MSA), sebuah metode yang akan mengelompokkan suatu strain berdasarkan derajat kesamaan urutan basa antar spesies (Wulandari, 2011).

Dapat dilihat pada prinsip amplifikasi gen 16S rRNA dengan teknik PCR menggunakan DNA template yang diisolasi dari lingkungan dapat dibuat pustaka klon gen tersebut. Sekuen gen 16S rRNA selanjutnya dapat digunakan untuk menduga sifat-sifat organisme yang belum dapat dikulturkan; mengidentifikasi model untuk kultivasi (dari kerabat dekat); sintesis pelacak oligonukleotida untuk tujuan identifikasi; pemisahan morfologi; fisik; deteksi pertumbuhan spesifik dalam kulturcampuran, memantau distribusinya di alam dan mengevaluasi laju pertumbuhan relative in situ; dan survei keragaman hayati dengan cepat dan komprehensif. Karena kemudahan dan kecepatannya, saat ini teknik PCR digunakan secara luas sebagai metode pilihan untuk mengamplifikasi fragmen DNA spesifik. Terdapat beberapa primer universal yang umum digunakan untuk mengamplifikasikan gen 16S rRNA bakteri, diantaranya 23F dan 24F serta 1392R dan 1492R (penomoran primer mengikuti konsensus sekuen 16S rRNA E.coli). Marchesi *et al.*, (1998) mendesain dan mengevaluasi primer 63F dan 1387R untuk amplifikasi gen 16S rRNA dengan ukuran sekitar 1300 pasang basa. Kedua primer ini berhasil mengamplifikasikan gen 16S



rRNA dari spesies yang secara teoritis menunjukkan derajat mismatch pada ujung 5' lebih tinggi apabila dibandingkan dengan pasangan 27F-1392R. keberhasilan tersebut juga menunjukkan konsistensi untuk mengamplifikasikan gen 16S rRNA dari template DNA yang diisolasi dari organisme yang tergolong dalam Coryneform, Micrococcus (Gram positif, High G+C).

#### **G. Tinjauan Umum Tentang PCR (Polymerase Chain Reaction)**

Reaksi polimer berantai atau PCR adalah suatu proses perbanyakan DNA secara in vitro enzimatik dengan pengontrolan suhu (Weising *et al.*, 2005) sedangkan menurut (Yuwono, 2006) PCR adalah suatu metode enzimatik untuk melipatgandakan secara eksponensial suatu sekuens nukleotida tertentu atau DNA dengan cara in vitro. PCR juga merupakan suatu reaksi in vitro untuk menggandakan jumlah molekul DNA pada target tertentu dengan cara mensintesis DNA baru yang berkomplemen dengan molekul DNA target dengan bantuan enzim polimerase dan oligonukleotida sebagai primer dalam suatu termocycler. Primer yang berada sebelum daerah target disebut primer forward dan yang berada setelah daerah target disebut primer reverse. Primer umumnya mempunyai panjang 9 sampai 25 basa dan menentukan situs dimulainya replikasi DNA (Stansfield *et al.*, 2006). Teknik PCR digunakan untuk memperbanyak sekuens DNA tertentu dengan waktu relatif singkat. Dengan PCR, molekul DNA dapat diperbanyak sampai jutaan kopi. Oleh karena itu teknik ini bisa disebut amplifikasi DNA (Muladno, 2002).

Tujuan dari PCR adalah untuk membuat sejumlah besar duplikasi suatu gen. hal ini diperlukan agar diperoleh jumlah DNA cetakan awal yang cukup untuk sekuensing DNA ataupun untuk memperoleh material genetik yang diperlukan dalam proses rekayasa genetika. Tahapan pengerjaan PCR secara umum terdiri dari isolasi DNA/RNA, pengecekan integritas isolat

DNA/RNA secara spektrofotometri atau elektroforesis, pencampuran komponen fraksi PCR, pemrograman mesin PCR pada kondisi optimum, amplifikasi reaksi dan deteksi/evaluasi hasil reaksi (Sari, 2006). Cara kerja PCR dimulai dari pengikatan dua oligonukleotida (primer) yang telah diketahui komposisinya ke suatu sekuens target yang diinginkan. Kemudian, DNA polimerase akan memperpanjang oligonukleotida tersebut. Setiap reaksi akan diulang setelah tahap denaturasi sehingga terjadilah amplifikasi (penguatan) secara eksponensial (Stansfield, 2006).

PCR melibatkan banyak siklus yang masing-masing terdiri atas tiga tahap berurutan yaitu pemisahan utas DNA pada suhu yang tinggi (denaturasi), penempelan (annealing) pasangan primer pada DNA target dan pemanjangan primer (extension) atau reaksi polimerisasi yang dikatalis oleh DNA polymerase. Ketiga tahap tersebut masing-masing memerlukan suhu yang berbeda. Tahapan-tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

1. Pemisahan DNA (Denaturasi)

Tahap ini merupakan tahap pengudaran DNA utas ganda menjadi DNA utas tunggal, dimana masing-masing untai dapat mencetak pasangannya (komplementer). Hal tersebut disebabkan karena suhu denaturasi yang tinggi yang menyebabkan putusnya ikatan hidrogen diantara basa-basa yang komplemen. Tahap denaturasi biasanya berlangsung antara suhu 94°C hingga 96°C dilakukan sampai 5 menit untuk memastikan semua utas tunggal sebagai DNA terpisah. Semakin panjang untaian rantai DNA, semakin lama waktu yang diperlukan untuk tahap denaturasi (Berg *et al.*, 2007).

2. Penempelan primer pada cetakan DNA (Annealing)

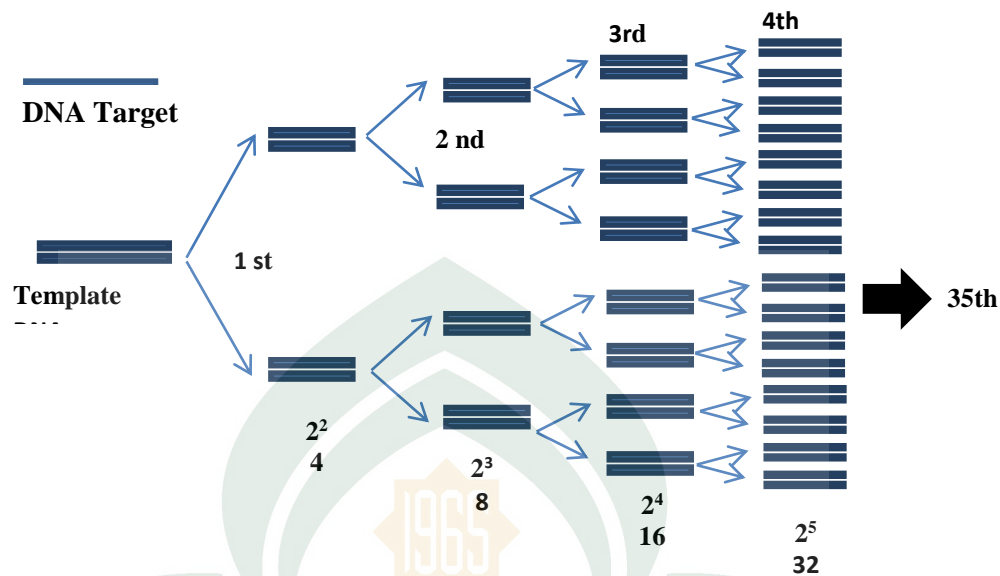
Tahap ini merupakan tahap penempelan primer pada utas DNA cetakan yang telah terdenaturasi menjadi utas tunggal akibat kecocokan pasangan basa. Primer menempel pada bagian

DNA cetakan yang memiliki urutan basa komplementer dengan urutan basa primer. Pada proses annealing ini, ikatan hidrogen akan terbentuk antara primer dengan urutan komplemen pada template. Tahap annealing biasanya dilakukan pada suhu sekitar 42°C hingga 65°C. Selanjutnya DNA polimerase akan berikatan sehingga ikatan hidrogen tersebut akan menjadi sangat kuat dan tidak akan putus apabila dilakukan reaksi polimerisasi selanjutnya, misalnya pada suhu 72°C.

### 3. Pemanjangan primer DNA (Extension)

Setelah primer menempel pada utas tunggal DNA cetakan, maka DNA polimerase akan mensintesis utas DNA yang baru berdasarkan utas DNA cetakan. DNA polimerase mulai mensintesis DNA dengan mengikatkan deoksiribonukleotida pada ujung 3'-OH dari primer, sehingga arah pertumbuhan utas DNA yang baru adalah 5'-P ke 3'-OH. Sintesis DNA atau pemanjangan primer ini dilakukan pada suhu cukup tinggi, yaitu sekitar 72°C supaya tahap berikutnya (denaturasi protein) relatif lebih mudah dan enzim Taq DNA polimerase dapat bekerja optimal.

Di dalam proses PCR, terjadi siklus yang berulang. 1 copy DNA setelah satu siklus akan menjadi 2 copy, sesudah 2 siklus akan menjadi 4 copy, sesudah 3 siklus akan menjadi 8 copy dan seterusnya. Sehingga perubahan ini akan berlangsung secara eksponensial (Gaffar, 2007). Hasil amplifikasi dapat dilihat dengan melakukan migrasi di dalam gel (elektroforesis). Seperti pada gambar 2.3, siklus PCR biasanya berlangsung 35-40 siklus.



**Gambar 2. 4.** Ilustrasi amplifikasi PCR (Sumber: Vierstraete, 1999 dalam Arham, 2015)

Elektroforesis adalah suatu teknik pemisahan molekul seluler berdasarkan atas ukurannya, dengan menggunakan medan listrik yang dialirkan pada suatu medium yang mengandung sampel yang akan dipisahkan (Yuwono, 2005). Teknik elektroforesis selalu memiliki dua komponen utama, yaitu medium penyangga (kertas atau gel) dan larutan buffer. Fungsi medium penyangga adalah sebagai reseptor titik dari senyawa-senyawa yang akan dipisahkan dan menyediakan jalur bagi migrasi komponen. Sedangkan fungsi buffer sebagai konduktor arus yaitu jembatan konduksi di antara dua elektroda, sehingga memungkinkan terjadinya aliran medan listrik dan menstabilkan pH (Sari, 2006).

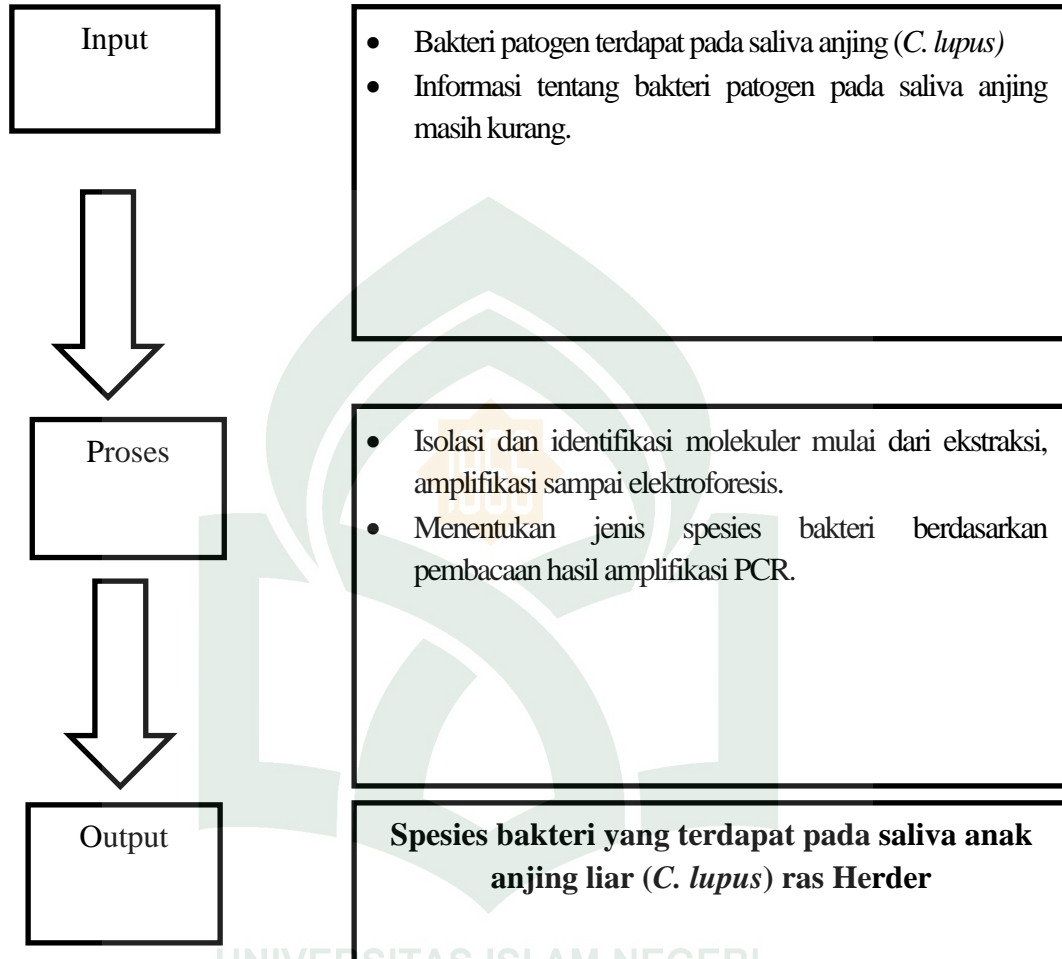
Produk PCR adalah ampikon (segmen DNA) yang berada dalam jumlah jutaan copy, tetapi tidak dapat dilihat dengan mata telanjang. Oleh karena itu, perlu adanya visualisasi produk PCR yaitu dengan cara elektroforesis gel agarosa. Selain untuk mendeteksi, elektroforesis gel

agarosa juga bertujuan untuk mengetahui ukuran ampikon dan mengetahui kesesuaian ampikon dengan yang diinginkan (Gaffar, 2007 dalam Arham, 2015).

Elektroforesis gel agarosa digunakan untuk mengetahui keberadaan dan membedakan jenis asam nukleat yang didapat dari hasil ekstraksi serta digunakan untuk menganalisis produk hasil pemotongan dengan enzim restriksi. Prinsip dasar elektroforesis adalah berdasarkan laju perpindahan suatu molekul oleh gaya gerak listrik di dalam matriks gel. Laju perpindahan tersebut bergantung pada ukuran molekulnya, semakin kecil molekulnya akan semakin cepat lajunya, begitu pula sebaliknya. Sample molekul ditempatkan ke dalam sumur pada gel yang berada di dalam larutan penyangga dan dialirkan listrik pada tegangan tertentu. Molekul-molekul sampel akan bergerak di dalam matriks gel ke arah salah satu kutub listrik sesuai muatannya. Arah pergerakan untuk RNA dan DNA adalah menuju elektroda positif karena adanya muatan negatif pada rangka gula-fosfat yang dimilikinya (Berg *et al.*, 2007).

DNA *sequencing* adalah penentuan sekuens nukleotida dalam molekul DNA (Novel *et al.*, 2010). Metode sekuensing merupakan salah satu terobosan utama dalam genetika biologi molekuler yang dapat mensekuensing potongan DNA secara cepat (Muladno, 2002). DNA target yang telah diamplifikasi dengan bantuan PCR akan disekuensing sehingga urutan basa nukleotida yang dikode akan diketahui, yang nantinya dapat dijadikan bahan untuk identifikasi spesies suatu bakteri.

#### H. Kerangka Pikir



### **BAB III**

#### **METODOLOGI PENELITIAN**

##### ***A. Jenis dan Pendekatan Penelitian***

Penelitian ini merupakan penelitian kualitatif dengan pendekatan eksploratif untuk mengidentifikasi bakteri pada saliva anak anjing (*Canis lupus*) ras Herder. Adapun pendekatan penelitian ini merupakan penelitian eksploratif bertujuan untuk menemukan sesuatu yang baru belum diketahui, belum dipahami dan belum dikenali.

##### ***B. Waktu dan Lokasi Penelitian***

###### ***1. Waktu Penelitian***

Penelitian identifikasi molekuler bakteri pada saliva anak anjing (*Canis lupus*) ras Herder dilakukan pada tanggal 10-11 Oktober 2017 dan tanggal 20 November 2017.

###### ***2. Lokasi Penelitian***

Lokasi Penelitian bertempat di Laboratorium Mikrobiologi RSP (Rumah Sakit Pendidikan) Universitas Hasanuddin Makassar.

##### ***C. Populasi Sampel***

Populasi dalam penelitian ini adalah anjing (*C. lupus*) ras Herder. Sampel dalam penelitian ini adalah anak anjing (*C. lupus*) ras Herder.



#### **D. Variabel Penelitian**

Penelitian ini memiliki variable tunggal yaitu jenis bakteri yang terdapat pada saliva anak anjing (*C. lupus*) dengan ras Herder yang diidentifikasi dengan menggunakan uji molekuler.

#### **E. Defenisi Operasional Variabel**

##### **1. Bakteri Patogen**

Bakteri saliva ras Herder merupakan bakteri yang ditemukan pada saliva anjing yang memiliki potensi sebagai flora normal terhadap anjing tersebut, namun berpotensi menjadi patogen pada hewan lain.

##### **2. Uji Molekuler**

Identifikasi molekuler merupakan pengujian yang dilakukan untuk mengetahui secara pasti spesies bakteri yang terdapat pada air liur anjing dengan menggunakan metode uji PCR (*Polymerase Chain Reaction*). *Polymerase Chain Reaction* (PCR) merupakan uji mikrobiologis yang lebih sensitif dibandingkan dengan metode konvensional. Teknik PCR ini lebih akurat, cepat, dan spesifik dengan menggunakan primer sebagai template (cetakan).

#### **F. Instrumen Penelitian**

##### **1. Alat**

Alat-alat yang digunakan dalam penelitian ini antara lain mikropipet, freezer - 72°C, gunting, biofuge, *Laminar air Flow*, vortex, centrifuge, water bath, bucket, pinset, waterproof, Hot plate and stirrer, satu set alat elektroforesis, *handscoon*,

masker, ballpoint, UV Transulaminator, computer, rak, labu erlenmeyer, gelas ukur, tip, neraca analitik, spatula, stopwatch, *freezer* -20°C, gelas kimia, satu set alat elektroforesis, PCR Worksatation/cabinet (Scie-Plus)/Biosafety cabinet, Gene Amp PCR System 9700 (*Applied Biosystem*), *Sub Gel GT Electroforesis system*, Profuge GK-Centrifuge, Ice Maker (Memmert), Gel DocXR Model 785.

## **2. Bahan**

Bahan-bahan yang digunakan dalam penelitian ini antara lain saliva anjing, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, tube, etanol 96%, gen 16S-rRNA, Presto™ Buccal Swab gDNA Extraction Kit (100 Preps), gSYNC™ DNA Extaction Kit (100 Preps), 200 µl PBS (*Phosphat buffer Seline*), Carrier RNA, S1 Buffer GSB (Gel solubilitation buffer), S2 Buffer GSB (Gel solubilitation buffer), Nucleid Acid, alkohol 5%, GD collumn 2 ml Collection tube, Proteinase K, Buffer W1, *Wash buffer* (Geneid), elution buffer, buffer AL-mix, Enzym KAPA Ready Mix, MgCl<sub>2</sub>, DNA Template, Nuclease Free Water, kertas label, tissu, medic cool, primer forward, primer reverse, tabung PCR (Sorensen, Cat. No 3922), Parafilm (Sigma, Cat. No. 7543), Erlenmeyer (Schoott), Filter tips 0.5-10µl (MBP, Cat. No 3922), Filter tips 10-Disposable gloves, VipPlus PCR Chiller, Tabung Eppendorf, Loading dye, agarose, Marker 100bp, TBE Buffer 10x.

## **G. Prosedur Kerja**

### **1. Sterilisasi Alat**

Alat-alat yang akan digunakan dicuci bersih lalu dibilas dengan air suling, kemudian alat-alat gelas disterilkan dengan menggunakan autoklaf pada suhu 121 °C dengan tekanan 2 atm selama 2 jam. Alat-alat logam disterilkan dengan cara autoklaf suhu 121°C selama 15 menit.

### **2. Preparasi Sampel**

Sampel yang digunakan adalah saliva anjing yang diambil dari mulut anjing liar ras Herder dengan metode swab dan langsung.

### **3. Identifikasi Isolat Bakteri pada Saliva Anjing**

Identifikasi bakteri pada saliva anjing (*Canis lupus familiaris*) Ras Siberian Husky dideterminasi dengan menggunakan sekuen 16S-rRNA. Analisis Cluster pada sekuen tersebut dilakukan dengan program BLAST (*Basic Local Alignment Tool*) dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Gen 16S-rRNA dianalisis secara lengkap di 1<sup>st</sup> Base Malaysia. Adapun langkah-langkah analisis gen 16S-rRNA dilakukan sebagai berikut:

#### **a. Ekstraksi DNA**

Ekstraksi DNA pada dasarnya merupakan serangkaian proses pemisahan DNA dari komponen-komponen sel lainnya. Pada ekstraksi DNA ini metode yang digunakan adalah metode ekstraksi DNA Kit (*Geneaid DNA Purification Kit*). Langkah-langkah ekstraksi DNA adalah sebagai berikut:

## 1. Pot Sampel (A)

### a. Preparasi Sampel (*sample preparation*)

Sampel saliva anjing dimasukkan ke dalam tabung mikrocentrifuge (semua) kemudian tambahkan 200  $\mu$ l (*Phospat Buffer Saline*), centrifuge sampel mengambil pelet.

### b. *Cell lysis* (Melisiskan sel)

Masukkan Carrier RNA ke tabung mikrocentrifuge sebanyak 0.6  $\mu$ l. Tambahkan 200  $\mu$ l Buffer S<sub>2</sub> ke dalam tabung mikrocentrifuge sebanyak 500  $\mu$ l, lalu vortex. Tambahkan proteinase K sebanyak 200  $\mu$ l lalu vortex. Inkubasi selama 10 menit. Tambahkan 200  $\mu$ l GSB buffer lalu vortex, inkubasi selama 10 menit.

### c. *DNA Binding*

Tambahkan ethanol 200  $\mu$ l lalu vortex selama 10 detik. Memindahkan semua campuran tersebut ke dalam GD Column (Spin column), sentrifugasi pada 13.000 Rpm selama 1 menit. Buang collection tube yang berada di bawah spin column dan mengganti dengan collection tube yang baru.

### d. *Wash* (Pencucian)

Tambahkan 400  $\mu$ l buffer W1 lalu sentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan yang sama kemudian buang cairan yang ada pada collection tube. Tambahkan 600  $\mu$ l wash buffer (Geneid) sentifuge selama 1 menit, lalu buang cairan pada collection tube dan sentrifuge kembali selama 3 menit. Buang

collection tube dan letakkan mikrocentrifuge steril pada bagian bawah spin column.

e. *Elution*

Selanjutnya tambahkan 100 µl Elution buffer kemudian sentrifuge dengan kecepatan yang sama selama 1 menit. Cairan yang mengandung DNA yang tertampung pada tabung mikrocentrifuge disimpan pada -4°C untuk digunakan sebagai template PCR.

2. Swab Steril (B)

a. *Preparasi Sampel (sample preparation)*

Swab dimasukkan ke dalam tabung mikrocentrifuge kemudian tambahkan 500 µl S1 Buffer, proteinase K 20 µl lalu vortex, inkubasi selama 10 menit.

b. *Cell lysis (Melisiskan sel)*

Memasukkan swab ke dalam collection tube dan sisa cairan sampel (volume tidak ditentukan). Centrifuge pada 13.000 Rpm selama 2 menit. Mengambil hasil saringan dan memindahkan ke collection tube baru dan buang swab. Tambahkan 500 µl S2 Buffer ke dalam tabung mikrocentrifuge sebanyak lalu vortex. Inkubasi selama 10 menit.

c. *DNA Binding*

Tambahkan ethanol 500 µl lalu vortex selama 10 detik. Memindahkan semua campuran tersebut ke dalam GD Column (Spin column) sebanyak 750 µl, sentrifugasi pada 13.000 Rpm selama 1 menit. Buang collection tube yang berada di bawah spin column dan mengganti dengan collection tube yang baru.

d. *Wash* (Pencucian)

Tambahkan 600 µl wash buffer lalu sentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan yang sama kemudian buang cairan yang ada pada collection tube, pindahkan ke collection tube baru.

e. *Elution*

Selanjutnya tambahkan 100 µl Elution buffer kemudian sentrifuge dengan kecepatan yang sama selama 1 menit. Cairan yang mengandung DNA yang tertampung pada tabung mikrocentrifuge disimpan pada -4°C untuk digunakan sebagai template PCR.

b. Amplifikasi PCR (*Polimerase Chain Reaction*).

PCR merupakan suatu proses sintesis enzimatik untuk melipatgandakan suatu sekuens nukleotida tertentu secara in vitro (di dalam tabung). Prosesnya meliputi 3 tahap, yaitu denaturasi dengan suhu 95 °C selama 30 detik, annealing dengan suhu 55 °C selama 30 detik dan ekstention dengan suhu 72 °C selama 1 menit. 46 Prosedur ini dikerjakan pada sampel DNA yang telah diisolasi, ekstrak DNA dari sampel dan aquadest sebagai kontrol negatif. "PCR mix" dimasukkan ke dalam tabung PCR (Hiroaki, 2009).

Tabel 3.1. Komposisi Primer Mix

Reaksi	( $\mu$ l)
Enzym KAPA Ready Mix	25
MgCl	2
Forward primer	1
Reverse primer	1
DNA Template	5
Nuclease Free Water	16
Total premix	50

(Protokol pabrik (Qiagen))

Amplifikasi dilakukan dengan menggunakan mesin PCR (DNA thermal Cycler). Untuk amplifikasi PcR, tahap awal denaturasi pada suhu 95°C selama 15 menit, selanjutnya 94°C selama 1 menit, *annealing* pada suhu 55°C selama 30 detik, ekstensi 72°C selama 1 menit sebanyak 40 siklus dilanjutkan dengan ekstensi akhir suhu 72°C selama 1 menit sebanyak 40 siklus dilanjutkan dengan ekstensi akhir suhu 72°C selama 5 menit dan 12°C  $\pm$  30 menit untuk penyimpanan.

c. Pembuatan Gen Agarose 2%

Agarosa dibuat dengan melarutkan 2 gr agarose (BioRad) dalam 100 mL 10 Tris borate EDTA (*Ethylene Diamine TetraAcid*) (100 g Tris base, 27.5 g asam borat, 20 ml 0.5 M EDTA pH 8.0 dalam 1 liter air). Kemudian dipanaskan sampai mendidih dan larut (bening).Selanjutnya ditambahkan 2  $\mu$ l ethidium bromida dan dimasukkan dalam pencetak gel yang telah dipasang sisir.Tunggu gel agarosa sampai memadat (sekitar 30 menit).



d. Elektroforesis

Gel agarose dimasukkan ke dalam tank elektroforesis yang berisi larutan TBE 0.5x. masukkan DNA sampel yang telah dicampur dengan cairan “loading dye” ke dalam sumur dengan perbandingan 2 : 1, kemudian masukkan Marker 1000bp setelah keseluruhan sampel telah dimasukkan. Elektroda dihubungkan dengan power supply, kemudian dinyalakan selama 1 jam (60 menit). Setelah itu,, alat elektroforesis dimatikan kemudian gel dari alat tersebut diambil. Gel dipindahkan ke dalam UV transulaminator kemudian diamati hasilnya pada komputer.

e. Analisis Data Sekuensing

Analisis data sekuensing dilakukan dengan menggunakan program software DNA star. Untuk analisa *sequence alignment*, dilakukan dengan membandingkan sekuens yang diperoleh (*query*) dengan yang telah ada pada *Gene Bank* dengan *database searches* NCBI internet site (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Ukuran fragmen hasil amplifikasi PCR ditentukan dengan cara dibandingkan antara posisi ukuran penanda DNA (Marker) dengan ukuran fragmen sampel. Hasil positif ditunjukkan dengan adanya band pada ukuran 996 bps.

## BAB IV

### HASIL DAN PEMBAHASAN

#### **A. Hasil Penelitian**

Pada penelitian ini didapatkan hasil berupa data dari hasil menggunakan uji identifikasi molekuler dengan hasil sekuensing yang diperoleh dari malaysia selanjutnya dianalisis pada Gen Bank menggunakan analisis BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Analisis BLAST dilakukan secara online pada website NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Hasil analisis BLAST dilakukan 2 sampel saliva anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder pada 1 ekor anak anjing yang diperoleh di Samata-Gowa dengan menggunakan metode pot sampel atau air liur murni diberi kode sampel (A) dan untuk sampel swab (B).

1. Sampel NGA saliva murni anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder

```
TCCCCGGGCTCACCTGGGAAGTGCATTTGATACTGGTTAACTTGAGT
GCGGAAGAGGGGGGTGGAATTCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAG
ATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGCTCCCTGGTACAATA
CTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATAC
CCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTGTTGGCGCTTT
TGAGGCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAATCCACCCGCGGGGG
AAGCCGGCCCCCAGGTAAAACCTCAGAGGATTTGGGGGGGGCCCCC
CACAAGCGGAGAATCTTGTGTTTTATTTTCATACGCCGCGAAAACCTT
CCCCGGTCTTGGTGTACGAATAATTTTCAAAAGATTAGGCTGCCCTC
CCGACCCCTGAGACCTGCGCGGCTGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGT
GATATGTTGGGTAAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGT
TGCCATCA
```

**Gambar 4.1** Hasil sequencing urutan basa nukleotida sampel NGA

Kode Sampel	Spesies	Strain	Max Score	Total Score	Quary Cover	Ident
NGA	<i>Escherichia coli</i>	PA45B	361	2487	99%	80%
		FORC 064	361	2484	99%	80%
		RM14715	361	2480	99%	80%
		2015C-	361	2445	99%	80%
		3905	361	2473	99%	80%
		5CRE51	361	2484	99%	80%
		FORC 041				

**Tabel 4.1** Bakteri hasil BLAST sampel NGA

2. Sampel swab NGB saliva anjing liar (*Canis lupus*) ras Herder

TGGGCGTAAGGGTGCGCAGGCGGTTTGTTAAGTCAGATGTGAAATC  
 CCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCCTTTGAAACTGGATAGCTTGAGT  
 GTGTCAGAGGGGGGTAGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAG  
 AGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCCCTGGGATAAA  
 ACTGACGCTCATGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATA  
 CCCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG

**Gambar 4.2** Hasil sequencing urutan basa nukleotida sampel NGB

Kode Sampel	Spesies	Strain	Max Score	Total Score	Query Cover	Ident
NGB	<i>Neisseria dumasiana</i>	M185-5	429	429	100%	95%

**Tabel 4.2.** Bakteri hasil BLAST sampel NGB

Keterangan:

Kode A : Air liur murni/ pot sampel

Kode B : Swab

NG : Herder

NGA : Air liur murni Herder

NGB : Swab Herder

## **B. Pembahasan**

Dapat dilihat berdasarkan standar resmi yang telah ditetapkan oleh FCI (*Federation Cynologique International*) untuk masing-masing trah dan berbeda satu sama lain. Pasalnya, anjing trah kecil umur 12 bulan ke atas menurut keputusan FCI sudah matang kelamin dan dianggap dewasa. Lain halnya dengan herder yang termasuk trah besar dianggap dewasa ketika berumur di atas 2 tahun (Riady, 2005).

Dalam proses identifikasi molekuler mikroorganisme, ada 4 proses utama yang paling dasar yaitu ekstraksi DNA, amplifikasi PCR, dan elektroforesis serta tahap sekuensing. Tahap ekstraksi DNA merupakan serangkaian proses yang bertujuan untuk memisahkan DNA dari komponen-komponen sel lainnya, Sehingga diperoleh DNA murni. Isolasi/ekstraksi DNA diperoleh dengan cara merusak atau memecahkan dinding sel sehingga DNA akan keluar dari dalam sel.

Pada tahap penelitian ini ekstraksi yang digunakan yaitu, ekstraksi kit menggunakan prinsip minicolumn atau filtrasi DNA dengan mengacu pada pedoman instruksi manual oleh protocol Geneaid dengan menggunakan presto TM mini Gdna bacteria kid. Keunggulan dari ekstraksi DNA dengan minicolumn merupakan metode ekstraksi yang paling umum dilakukan karena hasil yang didapatkan sangat baik dalam waktu yang tidak terlalu lama dan biaya yang lebih murah. Semua proses ekstraksi DNA tersebut dilakukan dengan memacu pada pedoman/instruksimanual oleh protokol geneaid dengan menggunakan PrestoTM Buccal Swab gDNA Extraction Kit (100 Preps) untuk sampel swab dan gSYNCTM DNA Extaction Kit (100 Preps) untuk sampel tetes langsung.

Pertama sel dilisis menggunakan *lysis buffer*. Komponen sel (terutama protein) dihancurkan dengan enzim protease (proteinase K). DNA diendapkan dengan *ethanol absolut* difilter dan dicuci dengan *washing buffer* (buffer W1). Dan terakhir, DNA dilarutkan dalam *elution buffer*.

Adapun bahan yang digunakan pada penelitian ini memiliki fungsi yang berbeda-beda yaitu *Elution buffer* merupakan larutan penyangga yang dapat mempertahankan pH. *Elution buffer* digunakan sebagai larutan isotonis untuk menjaga DNA selama penyimpanan, *Wash buffer* digunakan untuk membersihkan DNA dari pengotor lain., *Etanol absolut* digunakan untuk mengendapkan DNA, *Proteinase K* berfungsi untuk mendegradasi protein, sedangkan *Marker* berfungsi untuk mengetahui ukuran DNA hasil amplikasi. Marker DNA yang terdapat dalam gel elektroforesis berfungsi sebagai penanda posisi molekul DNA yang bermigrasi unruk menentukan perkiraan ukuran basanya, *Loading dye* berfungsi sebagai pemberat agar tidak keluar dari sumuran, *Ethidium bromida* sebagai pewarna DNA yang akan menyisip disela-sela basa nukleotida, *MgCl<sub>2</sub>* berfungsi sebagai pelarut DNA, *Agarose* sebagai reseptor titik dari senyawa-senyawa yang akan dipisahkan dan menyediakan jalur bagi migrasi komponen, Enzim juga berfungsi sebagai katalisis reaksi polimerase DNA, *Primer Forward* yaitu menginisiasi sintesis untai DNA dari ujung 5' ..... 3', sedangkan *Primer Reverse* yaitu menginisiasi sintesis untai DNA dari ujung 3' ..... 5'.

Selanjutnya hasil isolasi genomik DNA diamplikasi pada mesin PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan 40 siklus. Tahap PCR digunakan untuk memperbanyak sekuen DNA tertentu dengan waktu relatif singkat. Dengan PCR, molekul DNA dapat diperbanyak sampai jutaan kopi. PCR melibatkan banyak siklus yang masing-masing terdiri atas tiga tahap berurutan yaitu pemisahan utas DNA pada suhu yang tinggi (*denaturasi*), penempelan (*annealing*) pasangan

primer pada DNA target dan pemanjangan primer (*extension*) atau reaksi polimerisasi yang dikatalis oleh DNA polymerase. Dalam mix PCR menggunakan primer universal.

Kemudian dielektroforesis selama 60 menit 100 volt pada gel agarose dengan konsentrasi 2%. Tahap Elektroforesis DNA yang merupakan suatu teknik pemisahan molekul seluler berdasarkan atas ukurannya, dengan menggunakan medan listrik yang dialirkan pada suatu medium yang mengandung suatu sampel yang akan dipisahkan. Hasil dari proses ekstraksi dan PCR dapat dilihat dengan cara elektroforesis yaitu dengan melihat ketebalan pita DNA sampel tersebut.

Dari hasil elektroforesis terdapat pita yang terseparasi dan sejajar dengan marker sekitar 1000 bp. Hal ini menunjukkan bahwa fragmen gen yang teramplifikasi memiliki ukuran 1 elektroforesis yang memiliki ukuran  $\pm 996$  bp, sehingga dapat disimpulkan bahwa proses amplifikasi bakteri berhasil dilakukan. Selanjutnya dilakukan identifikasi spesies bakteri tersebut. Hasil amplifikasi PCR dan primer dikirim ke PT. Genetika Science Indonesia yang kemudian akan dikirim ke 1st BASE sequencing INT di Malaysia untuk pemetaan pasang basa yang berhasil diamplifikasi. Hasil yang diperoleh dari Malaysia selanjutnya dianalisis pada gen bank menggunakan analisis BLAST.

Tahap akhir yaitu Analisis BLAST dilakukan dengan tujuan untuk membandingkan hasil yang diperoleh dengan hasil sekuen DNA dari seluruh dunia yang didepositkan pada database Gen Bank. Analisis BLAST dilakukan secara online pada website *National Center for Biotechnology Information* (NCBI, 2016): (<http://ncbi.nlm.nih.gov>). Narita (2012), dalam teorinya ciri-ciri sekuen dari gene bank yang paling mirip dengan sekuen DNA yang diperoleh yaitu, nilai *Max Score* dan *Total Score* sama, *Query coverage* mendekati 100%, *E-Value* mendekati 0, dan *Identities* mendekati 100%. Dari keempat parameter tersebut, nilai *Query Coverage* yang paling penting karena menunjukkan persentase Database yang tertutupi oleh *Query*. Apabila nilai *E-Value*



semakin mendekati nol, hasilnya akan lebih terpercaya dan bila nilainya 1, maka tidak boleh digunakan.

Hasil analisis BLAST pada sampel NGA terlihat pada (Tabel 4.1) bakteri yang berhasil teridentifikasi dan memiliki beberapa *strain* yang berbeda-beda. Nilai *Query Cover* pada bakteri *Escherichia coli* memiliki persentase yang sama yaitu 99% hal ini menunjukkan bahwa bakteri ini memiliki kemiripan pada tingkat spesies,. Hal ini didukung dalam penelitian Wulandari (2011) bahwa hasil analisis BLASTn terhadap gen 16S rRNA yang mempunyai homologi urutan kurang dari 98% menunjukkan bahwa isolat dianggap spesies. Sedangkan homologi antara 93-95% dapat dinyatakan bahwa isolat yang dibandingkan berada pada genus yang sama dan homologinya antara 89-93% menunjukkan famili yang berbeda. Dari ke-2 bakteri ini memiliki nilai *Percentage Of Identity* masing-masing sampel g dan h 80%,. Tingginya nilai persentase tersebut mengindikasikan identiknya sekuen sampel dengan sekuen spesies pada database (Claverie dan Notredame, 2003).

Pada urutan basa tanda " | " menunjukkan kecocokan anatar squens sedangkan kesenjangan ditunjukkan dengan tanda " \_ " yang diasosisikan dengan proses insersi atau delesi pada bagian tersebut, sedangkan basa nekloutida yang diganti dengan huruf " N " dapat digantikan salah satu dari keempat urutan basa yang ada.

Bakteri *Escherichia coli* memiliki strain yang berbeda-beda yaitu strain PA45B, FORC 064, RM14715, 2015C-3905, 5CRE51, dan FORC 041, RM14715, CV839-06, PA45B, KSC207 chromosome, complete genome. Strain *Escherichia coli* PA45B, complete genome ini diambil dari hasil yang paling sesuai dengan strain yang diperoleh dengan nilai *Max Score* 361 dan *Total Score* yaitu 2487 yang tertinggi (Tabel 4. 3). Strain bakteri patogen diperoleh dari urutan 59 sampai 517 (Gambar 4. 3).



Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<a href="#">Uncultured Escherichia sp. clone 33 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF346112.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain 2015C-3905 chromosome, complete genome</a>	361	2445	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP027371.1</a>
<a href="#">Shigella boydii strain NCTC 9734 chromosome</a>	361	2478	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP026875.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain 1551-2 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025317.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain ChinaSP140150 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025676.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain SC516 chromosome, complete genome</a>	361	2484	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025048.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain CH-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MG482768.1</a>
<a href="#">Shigella flexneri strain 71-2783 chromosome</a>	361	2482	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP024470.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain 2014C-4356 chromosome, complete genome</a>	361	2522	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP024282.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain PA45B, complete genome</a>	361	2487	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP021288.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain 13480 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF372554.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain 5CRE51, complete genome</a>	361	2473	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP021175.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150270 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765476.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150265 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765475.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150253 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765474.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765473.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150242 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765472.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150193 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765471.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain T20150298 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765467.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain T20150248 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765466.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150104 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765464.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150036 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765463.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150027 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765462.1</a>

**Tabel 4.3.** Hasil Analisis BLAST Sampel NGA dari Bakteri *Escherichia coli*

Escherichia coli strain PA45B, complete genome  
Sequence ID: [CP021288.1](#) Length: 5074754 Number of Matches: 7

Range 1: 229136 to 229656 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
361 bits (195)	2e-95	421/529 (80%)	20/529 (3%)	Plus/Plus

Features: [rRNA-16S ribosomal RNA](#)

Query	1	TCCTCGGGCTC-ACCTGGGAAGTGCATTTGATACCTGGTAACTTGGTGCAGGAGAGGGG	59
Sbjct	229136	TCCTCGGGCTCAACTGGGAAGTGCATCTGATACTGGTAAGCTTGGTCTCGTAGAGGGG	229195
Query	60	GGTGGAAATCCAAAGTGTAGCGGTGAATGCGTAGATATCTGGAGGAACCCGATGCGGAA	119
Sbjct	229196	GGTAGAAATCCAGGTGTAGCGGTGAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA	229255
Query	120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGAT	178
Sbjct	229256	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGAT	229314
Query	179	TAGATACCTCGTGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGA	236
Sbjct	229315	TAGATACCTCGTGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTGGAGGTTGTGCCC--TTGAG	229372
Query	237	GCGTGTCTTCAGGAACAAACCCGAAAA-TCCACCGCGGGGGGAAGCCGCCCCCAGGTT	295
Sbjct	229373	GCGTGGCTTCGAGGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT	229431
Query	296	AAAACCTCAGAGGATTTGGGGGGGCCCGCCACAAGCGGAGAACTTGTGTTTATTTC-A	354
Sbjct	229432	AAAA-CTCAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAAATTCGA	229490
Query	355	TACGCGCGGAA-AACTTCCCGCGTCTTGGTGT--ACGAATAATTTCAAAGATTAGGC	411
Sbjct	229491	TGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTAGA-GATGAGAA	229548
Query	412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGAT	468
Sbjct	229549	TGTGCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGATGGC-TGTGTCAGTCTGTGTTTGAA	229607
Query	469	ATGTTGGGTTAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA	517
Sbjct	229608	ATGTTGGGTTAAGTCCCGAAGAGGCGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCA	229656

**Gambar 4.3.** Perbandingan urutan basa Sanpel NGA dengan *Escherichia coli*

Bakteri *Escherichia coli* merupakan bakteri gram negatif berbentuk batang yang bersifat anaerob fakultatif. Bakteri ini bagian dari *Enterobacteriaceae*, berbentuk koloni yang berbentuk sirkular, cembung dan licin jika dikultur.

Bakteri ini juga merupakan bakteri normal yang ditemukan di usus yang berperan untuk membantu menjaga fungsi normal pencernaan. Bakteri ini umumnya tidak menimbulkan penyakit, namun pada beberapa kondisi tertentu dapat bersifat patogen (Sudoyo, 2010).

*Escherichia coli* atau biasa disingkat *E. coli* adalah salah satu jenis spesies utama bakteri gram negatif. Pada umumnya, bakteri yang ditemukan oleh Theodor Escherich ini dapat ditemukan dalam usus besar manusia. Kebanyakan *E. Coli* tidak berbahaya, tetapi beberapa, seperti *E. Coli* tipe O157:H7, dapat mengakibatkan keracunan makanan yang serius pada manusia yaitu diare berdarah karena eksotoksin yang dihasilkan bernama verotoksin. Toksin ini bekerja dengan cara menghilangkan satu basa adenin dari unit 28S rRNA, sehingga menghentikan sintesis protein. Sumber bakteri ini contohnya adalah daging yang belum masak, seperti daging hamburger yang belum matang. *E. Coli* yang tidak berbahaya dapat menguntungkan manusia dengan memproduksi vitamin K2, atau dengan mencegah bakteri lain di dalam usus. *E. coli* banyak digunakan dalam teknologi rekayasa genetika. Biasa digunakan sebagai vektor untuk menyisipkan gen-gen tertentu yang diinginkan untuk dikembangkan. *E. coli* dipilih karena pertumbuhannya sangat cepat dan mudah dalam penanganannya. Negara-negara di Eropa sekarang sangat mewaspadaai penyebaran

bakteri *E.coli* ini, mereka bahkan melarang mengimpor sayuran dari luar (Levinson, 2008).

Beberapa keuntungan dari bakteri *E. coli* yaitu menghasilkan kolisin, yang dapat melindungi saluran pencernaan dari bakteri usus yang patogenik, dipakai sebagai indikator untuk menguji adanya pencemaran air oleh tinja. Di dalam lingkungan dan kehidupan kita, bakteri *E. coli* banyak dimanfaatkan diberbagai bidang, baik pertanian, peternakan, kedokteran maupun dikalangan Industri. Dengan berkembangnya ilmu pengetahuan, *E. coli* telah banyak diketahui baik sifat morfologi, fisiologi maupun pemetaan DNA nya, sehingga bakteri ini dipakai untuk menyimpan untai DNA yang dianggap potensial, baik dari tanaman, hewan maupun mikroorganisma dan sekaligus untuk perbanyakannya. Dengan diketahuinya bahwa *E. coli* dapat dipakai untuk menyimpan untai DNA yang potensial, maka hal ini membuka kesempatan untuk mempelajari sifat dan karakter dari mikroba lain yang tentunya memberikan dampak yang positif untuk kemajuan di bidang kedokteran, pertanian maupun industri. Di bidang pertanian telah dilaporkan bahwa beberapa tanaman tidak tahan terhadap suatu penyakit atau serangan hama, namun bantuan *E.coli* sebagai inang yang membawa gen yang tahan terhadap penyakit atau hama tertentu, maka hal itu dapat diatasi sehingga perkembangan di bidang pertanian tidak terhambat.

*E. coli* juga dapat membahayakan kesehatan, karena diketahui bahwa bakteri *E.coli* merupakan bagian dari mikrobiota normal saluran pencernaan dan telah terbukti bahwa galur galur tertentu mampu menyebabkan gastroenteritis tarafsedang

sampai parah pada manusia dan hewan. Bakteri ini juga dapat menyebabkan diare akut, yang dapat dikelompokkan menjadi 3 kategori yaitu enteropatogenik (penyebab gastroenteritis akut pada bayi yang baru lahir sampai pada yang berumur 2 tahun), enteroinaktif dan enterotoksigenik (penyebab diare pada anak-anak yang lebih besar dan pada orang dewasa). Dilaporkan pula bila *E.coli* di dalam usus memasuki kandung kemih, maka dapat menyebabkan sintitis yaitu suatu peradangan pada selaput lender organ tersebut (Melliawati, 2009).

Adapun klasifikasi dari *Escherichia coli* yaitu:

Kingdom : Bakteria  
Filum : Proteobacteria  
Kelas : Gammaproteobacteria  
Ordo : Enterobacteriales  
Famili : Enterobacteriaceae  
Genus : Escherichia  
Spesies : *Escherichia coli* (Jawets, 2007).

Pada (Tabel 4.2) terlihat hasil analisis BLAST dari sampel NGB ditemukan bakteri *Neisseria dumassiana* dengan Nilai *Query Cover* yang sama yaitu 100%. Hal ini menunjukkan bahwa ketiga bakteri tersebut termasuk ke dalam homologi antara 98% ke atas dan dapat dinyatakan bahwa isolat yang dibandingkan berada pada spesies. Dari kedua bakteri ini memiliki nilai *Percentage Of Identity* atau tingkat kemiripan masing-masing sampel g dan h 95%. Menurut (Claverie dan Notredame, 2003) Tingginya nilai persentase tersebut mengindikasikan identiknyanya sekuen sampel dengan sekuen spesies pada database.

Dari sampel NGB dengan bakteri *Neisseria dumasiana* diperoleh strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence. Strain ini diambil dari hasil yang paling sesuai dan tertinggi dengan strain yang diperoleh *Max Score* dan *Total Score* yang sama yaitu 429 (Tabel 4.9). Strain Bakteri patogen yang diperoleh dari urutan 59 sampai 271 (Gambar 4.9).

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_SL6osIBF01 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	435	435	100%	5e-118	96%	<a href="#">JQ206795.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnOr_02DSL4aOB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	435	435	100%	5e-118	96%	<a href="#">JQ204885.1</a>
<a href="#">Neisseria dumasiana strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">MH382952.1</a>
<a href="#">Neisseria sp. strain 124861 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417830.1</a>
<a href="#">Neisseria sp. strain 114725 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417829.1</a>
<a href="#">Neisseria sp. strain 93087 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417828.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_12GSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206333.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_11ESL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206323.1</a>

**Tabel 4.4.** Hasil Analisis BLAST Sampel NGB dari Bakteri *Neisseria dumasiana*

Neisseria dumasiana strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence  
Sequence ID: [MH382952.1](#) Length: 1406 Number of Matches: 1

Range 1: 509 to 780 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
429 bits(232)	2e-116	259/272(95%)	1/272(0%)	Plus/Plus

Query	1	TGGGCGT-AAGGGTGCAGGCGGTTTGTTAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACC	59
Sbjct	509	TGGGCGTAAAGCGGGCGCAGACGGTTACTTAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACC	568
Query	60	TGGGAACCTGCCITTGAAACTGGATAGCTTGAGTGTGTGAGAGGGGGTAGAATCCACGT	119
Sbjct	569	TGGGAACCTGCGTTTGAAACTGGGTAGCTAGAGTATGTGAGAGGGGGTAGAATCCACGT	628
Query	120	GTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCTGGGA	179
Sbjct	629	GTAGCAGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCTGGGA	688
Query	180	TAAACTGACGCTCATGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGT	239
Sbjct	689	TAAACTGACGTTTCATGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGT	748
Query	240	CCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG	271
Sbjct	749	CCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG	780

**Gambar 4.4.** Perbandingan urutan basa Sanpel NGB dengan *Neisseria dumasiana*

Bakteri ini merupakan bakteri gram negatif. *Neisseria* adalah genus bakteri besar yang menjajah permukaan mukosa banyak hewan. Dari 11 spesies yang

menjahaj manusia, hanya dua yang patogen, *N. meningitidis* dan *N. gonorrhoeae*. (Rian, 2004). Dalam penelitian Talan et al (1999) berhasil mengisolasi kelompok utama patogen yang diisolasi dari 57 kasus gigitan kucing yang dimana adalah spesies *Pasteurella*, *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Neisseria*, *Corynebacterium*, dan *Moraxella*. Anaerob termasuk spesies *Fusobacterium*, *Bacteroides*, *Prevotella*, dan *Porphyromonas*. Adapun penelitian pendukung tiga isolat independen cocci Gram-reaksi-negatif dikumpulkan dari dua pasien New York State dan mulut anjing di California menjadi sasaran analisis polifasik.

Adapun klasifikasi dari *Neisseria dumasiana* yaitu:

Kingdom	: Bakteria
Filum	: Proteobacteria
Kelas	: Beta proteobakteria
Ordo	: Neisseriales
Famili	: Neisseriaceae
Genus	: Neisseria
Spesies	: <i>Neisseria dumasiana</i> (Talan et al, 1999).

## **BAB V**

### **PENUTUP**

#### **A. Kesimpulan**

Adapun kesimpulan pada penelitian ini yaitu hasil identifikasi molekuler saliva anak anjing (*Canis lupus*) pada ras Herder dengan sampel NGA diperoleh bakteri *Escherichia coli* dan sampel NGB didapatkan bakteri *Neisseria dumasiana*. Beberapa bakteri ini merupakan bakteri gram negatif dan memiliki tingkat patogen terhadap manusia dan juga banyak terdapat di anjing maupun di hewan liar lainnya.

#### **B. Implikasi Penelitian (Saran)**

Adapun saran saya yaitu sebagai berikut:

1. Perlu adanya penelitian lebih luas tentang identifikasi bakteri saliva anjing dengan beberapa jenis anjing yang berbeda dengan metode yang lebih signifikan.
2. Perlu adanya penelitian lebih lanjut dengan melakukan pengujian antibakteri pada bakteri patogen saliva anjing.
3. Diharapkan adanya penelitian lebih lanjut mengenai identifikasi pada tanah dengan terkaitnya hadist yang apabila terkena air liur anjing hendaknya cuci tangan sebanyak 7 kali menggunakan tanah. Mengapa hal tersebut tanah dijadikan benda yang suci dan bersih?
4. Sebagaimana anjing tidak memiliki kelenjar keringat melainkan dia hanya memiliki kelenjar saliva (air liur), sehingga untuk mengatur suhu tubuhnya anjing



menurunkan panas tubuhnya dengan memproduksi air liur lebih banyak. Bagaimana dengan anjing yang tinggal di daerah musim dingin, apakah dia mengeluarkan air liur lebih banyak atau malah sebaliknya? Maka perlu dilakukan penelitian lebih lanjut tentang anjing yang mengeluarkan air liur di musim panas dengan anjing yang mengeluarkan air liur di musim dingin.



## KEPUSTAKAAN

- Abdullah, H. "Tanah Steril dan Sabun Tanah Steril Sebagai Bahan Antimikroba Terhadap Air Liur Anjing". *Skripsi*. Bogor: Institut Pertanian Bogor, 2008.
- Adam, S. *Dasar-Dasar Mikrobiologi dan Parasitologi untuk Perawat*. Jakarta: EGC, 1992.
- American Kennel Club. *The Complete Dog Book: The Photograph, History and Official Standard of Every Breed Admitted to AKC Registration, and the selection, Training, Breeding, Care and Feeding of Pure-Bred Dogs*. 18 Edition, 1992.
- Arham, Washilul. Identifikasi Bakteri Symbion Nematoda Entomo patogen Isolat Lokal Asal BromoJa Timu Berdasarkan Sekuen DNA Pengkode 16S rRNA. *Skripsi*. Jember: Jurusan Biologi Fakultas MIPA Universitas Jember, 2015.
- Badan Karantina Pertanian. *Musnahkan Rabies*. Jakarta: Departemen Pertanian, 2007.
- Belot, J, R Parent, and JL Pangui. 1984. Courte Communication: Demodecie canine, Observations Cliniques a propos d'un essai de traitement par l'ivermectine. *Le Point Veterinaire*, vol.16. no.85 p.66-68.
- Berg MJ, Tymoczko JL, and Stryer L. *Biochemistry*. Six Edition. San Fransisco: WH Freeman, 2007.
- Bowen, A.B. and Braden, C.R. "Invasive *Enterobacter sakazakii* disease in infants". *Emerging infections diseases* 12 no. 8 (2006): 1185-1190.
- Caubilla, B.J, and Forsythe, S. "Dry Strees and survival time of *Enterobacter sakazakii* and other *Enterobacteriaceae* in dehydrated infant formula". *Journal Food Protection* 12 (2007):467-472.
- Castillo A, Villarruel-López A, Navarro-Hidalgo V, Martínez-González NE, Torres-Vitela MR. "Salmonella and Shigella in freshly squeezed orange juice, fresh oranges, and wiping cloths collected from public markets and street booths in Guadalajara, Mexico: incidence and comparison of analytical routes." *Journal of Food Protection*. 69 (11) (2006): 2595-2599.

- Chan, T.F., Loo, J.F., Kong, S.K. "Monitoring bacterial growth using tunable resistive pulse sensing with a pore based technique". *Applied Microbiology and Biotechnology* 98 no. 2 (2014): 855-862.
- Chen, W.M., Yang, S.H., Young, S.Y. "Arcicella rigui sp. nov., isolated from water of a wetland, and emended descriptions of the genus Arcicella, Arcicella aquatica, Arcicella rosea and Arcicella aurantiaca". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63 (2013): p. 134-140.
- Claverie JM. Notredame C. *Bioinformatics for Dummies*. Indianapolis (USA): Wiley Publishing, 2003.
- Debra. Discover Magazine, *The Biology of Saliva*. Wikimedia Foundation, 2005.
- Donnenberg MS. Enterobacteriaceae. Mandell GL, Bennett JE, Dolin R, eds. *Principles and Practice of Infectious Diseases*. 7th. Philadelphia, Pa: Churchill Livingstone - Elsevier; 2010. 2: 2815-2833.
- Evans HE. *Miller's Anatomy of the Dog*. 3<sup>rd</sup> edition. Ithaca, New York. USA: WB Saunders Company, 1993.
- Famdon, John. *Ensiklopedia Mini Hewan*. Erlangga For Kids, 2003.
- Fardiaz, S. *Mikrobiologi Pangan*. Institut Pertanian Bogor, Bogor, Indonesia: Pusat Antar-Universitas Pangan dan Gizi, 1989.
- Gaffar, Sharbani. *Buku Ajar Bioteknologi Molekul*. Jurusan Kimia FMIPA: Universitas Padjajaran, 2007.
- Gittleman, J. L. *Carnivore Behavior, Ecology and Evolution*. USA: Ithaca. N. Y., Cornell University Press, 1989.
- Hakim Jeffry. "Tanah Dan Sabun Tanah Sebagai Bahan Antimikroba Terhadap Air Liur Anjing". *Skripsi*. Bogor : Institut Pertanian Bogor, 2008.
- Hatmosrojo, R. Nyuwan. S. B. *Melatih Anjing Penjaga*. Jakarta: Penebar Swadaya, 2008.
- Henfrey, J. Canine demodicosis. *In Practice*. 1990. 12 (5):187-192.

- Hunter, Catherine, J., Mikael, P., Ford, H.R., Prasadara, N.V. "Enterobacter sakazaki: An Emerging Pathogen in Infants and Neonates". *Surgical Infections* 9 no.5 (April 2017): 533-539.
- Irawan, Bambang. *Genetika Molekuler*. Surabaya: Airlangga University Press, 2008.
- Katsir, Ibnu. *Ibnu Katsir*. Bandung: PT Sinar Argresido, 2002.
- Kementerian Agama RI. *Tafsir dan Terjemahan*. Surabaya: Toha Putra, 2012.
- Kementerian Agama RI. *Al-Qur'an dan Terjemahnya*. Jakarta : CV. Dua Sehati, 2012.
- Kementerian Agama RI. *Hewan Dalam Perspektif al-Qur'an dan Sains*. Jakarta: Lajnah Pentashihan al-Qur'an, 2012.
- Komang, I. W. S. "Pengobatan Demodekosis pada Anjing Di Rumah Sakit Hewan Pendidikan Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga". *VetMedika J Klin Vet* 1 No. 1 (Juli 2012): h. 9-14.
- Lehninger AL. *Dasar-dasar Biokimia*. Jilid 3. Terjemahan Maggry Thenawijaya dari Principles of Biochemistry. Jakarta: Erlangga, 1994.
- Levinson W. 2008. *Review of Medical Microbiology*. Amerika: The McGraw-Hill Companies.
- Madigan M T, Martinko J M, Parker J. *Brock, the Biology of Microorganisms 8<sup>th</sup> Edition*. Prentice Hall. Upper Saddle River. New Jersey, 1997.
- Marchesi JR, sato T, Weightman AJ, Martin TA, Fry JC, Hiom SJ, and Wade WG. " Design and evaluation of useful bacterium-specific PCR primers that amplify genes coding for bacterial 16S rRNA". *Applied and Environmental Microbiology* 64 no.2 (Februari 1998): 795-799.
- Muladno. *Seputar Teknologi Rekayasa Genetika*. Bogor: Pustaka Wirausaha Muda, 2002.
- Nugraha F, Roslim DI, Ardilla YP, Herman "Analisis Sebagian Sekuen Gen Ferritin2 pada Padi (*Oryza sativa* L.) Indragiri Hilir, Riau". *Biosaintifika Journal of Biology and Biology Education* 6 No. 2 (2014): 94-103.
- Ooka T., Tokuoka E., Furukawa M., Nagamura T., Ogura Y., Arisawa K., Harada S and Hayashi T. "Human gastroenteritis outbreak associated with *Escherichia albertii*, Japan". *Emerg Infect Dis* no. 19 (2013):144–146.

- Pangastuti, Artini. 2006. Review Definisi Spesies Prokaryota Berdasarkan Urutan Basa Gen Penyandi 16S rRNA dan Gen Penyandi Protein. *Jurnal ISSN: 1412-033X*, 292-296.
- Peter C Goody. *Dog Anatomy*. J.A Allen London, 1997.
- Prema P, Palavesam A, Balaji P. "Aerobic heterotrophic bacterial diversity in sediments of Rajakkamangalam estuary, south west coast of India." *Journal of Environmental Biology*. 26 (4) (2005): 729-724.
- Pratiwi, Sylvia. T. *Mikrobiologi Farmasi*. Jakarta: Penerbit Erlangga, 2008.
- Riady, Martin. *Anjing Kesayangan ke Kontes*. Jakarta: Penebar Swadaya, 2005.
- Rebecca L., Paula, J., Abley, M. and Turpin, J.R. "Evaluating the Occurrence of *Escherichia albertii* in Chicken Carcass Rinses by PCR, Vitek Analysis, and Sequencing of the *rpoB* Gene". *Applied and Environmental Microbiology* 81 no. 5 (March 2015):1727-1734.
- Rosadi, Bayu. *Taksonomi Vertebrata*. Tangerang Selatan: Penerbit Universitas Terbuka, 2014.
- Sari, Evy Novita. Identifikasi Bakteri Penghasil Fitase Berdasarkan Gen 16S rRNA dan Karakterisasi Fitasedari Kawah Sikidang Dieng. Tidak diterbitkan: *Tesis*. Surakarta: Universitas Sebelas Maret, 2012.
- Scott, DW, WH Miller, CG Griffin. *Small Animal Dermatology*. WB Saunders Company, 2001.
- Shihab, M. Quraish. *Tafsir al-Misbah: Pesan, Kesan dan Keserasian al-Qur'an*. Cet. V; Tangerang: Lentara Hati, 2012.
- Shihab, M. Quraish. *Tafsir Al-Misbah Pesan, Kesan dan Keserasian al- Qur'an*. Jakarta: Lentara Hati, 2002.
- Shihab. M. Quraish. *Dia Dimana Mana: Tangan Tuhan Dibalik Setiap Fenomena*. Cet. IV; PT. Lentara Hati: Jakarta1427H/2006M.
- "Shigella." U.S. Food and Drug Administration. 14 June 2006. Department of Health and Human Services. 30 Apr, 2007.
- "Shigellosis." CDC. 13 Oct. 2005. HHS. 1 May 2007.

- Sjuhad A. Cairan Rongga Mulut. *Kumpulan Makalah Seminar Nasional*. Surabaya: Ikatan Ahli Ilmu Faal Indonesia, 2007.
- Smith, J.R., T.S. Farmer and R.H. Johnson. Serological observations on the epidemiology of parvovirus enteritis of dogs. Aust (1980). Vet. J. 56: 149–150.
- Stansfield, Wiliam, Raul Canddan Jaime Colome. *Biologi Molekuler dan Sel*. Jakarta: Erlangga, 2006.
- Tim Penyusun. *Kamus Besar Bahasa Indonesia Cet. II*; Pt Balai Pustaka: Jakarta, 2002 M.
- Thompson, H., I.A.P. Mccandlish, H.J.C. Cornwell, N.G. Wright And P. Rogerson. Myocarditis in puppies. (1979). Vet. Rec. 104: 107–108.
- Vasantharajan VN, Munirathnamma N (1978). "Studies on Silkworm Diseases III - Epizootiology of a Septicemic Disease of Silkworms Caused by *Serratia marcescens*". *Journal of the Indian Institute of Science*. 60 (4). Retrieved 14 July 2016.
- Wulandari, Rita. Analisis Gen 16 rRNA pada Bakteri Penghasil Enzim Fitase. Tidak diterbitkan: *Tesis*. Surakarta: Universitas Sebelas Maret, 2015.
- Yang, Fan, Jian Yang, Xiaobing Zhang, and Yan Jiang. "Genome Dynamics and Diversity of *Shigella* Species, the Etiologic Agents of Bacillary Dysentery." *Nucleic Acids Research* 33 (2005): 6445-6458.
- Yuslina, E. S. *Pusat Pemeliharaan, Perawatan, dan Pelatihan Anjing Peliharaan di Depok Sleman*. Universitas Atma Jaya Yogyakarta, 2013
- Yuwono, T. *Teori dan Aplikasi: PCR*. Yogyakarta: Penerbit Andi, 2006.

## LAMPIRAN

### Skema Kerja

#### 1. Sampel Bakteri Air Liur Anjing (*Canis lupus*)



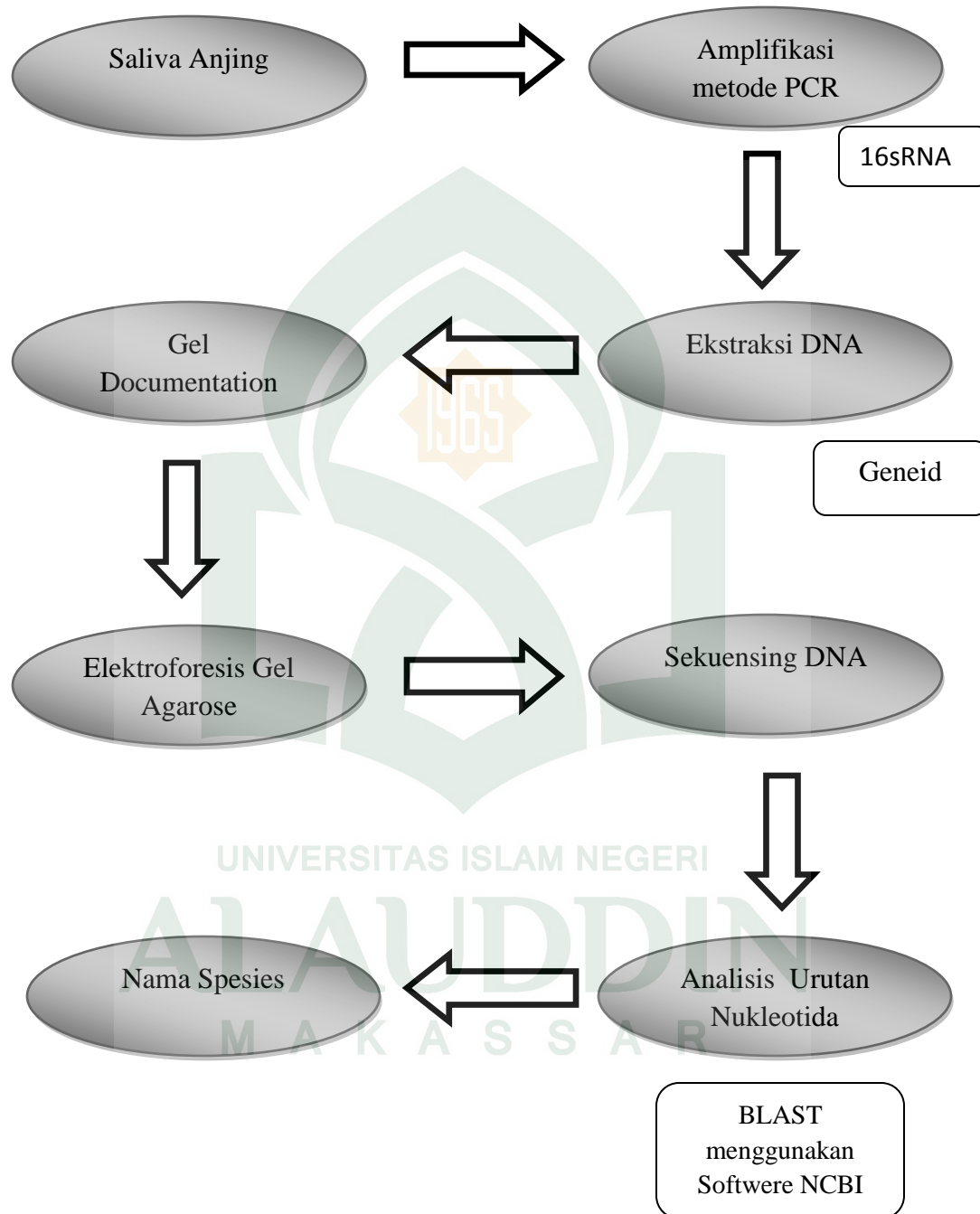
Anjing

- Air liur anjing (*C. lupus*) diambil dari mulut anjing ras Herder
- Ekstraksi
- Disimpan di *refrigerator* pada suhu  $-2^{\circ}\text{C}$ .

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI  
**ALAUDDIN**  
M A K A S S A R

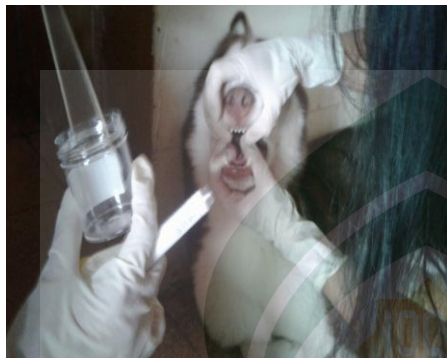


**Lampiran 1 (Identifikasi Molekuler)**



## **Lampiran 2 (Proses Pengerjaan)**

### **1. Pengambilan Sampel (Anjing peliharaan dan Anjing liar)**



(Ras Siberian Hunsky)



(Ras Pittbul)



(Ras Golden retriever)



(Herder 1)



(Herder 2)



(Herder 3)

## 2. Sampel



## 4. Running PCR



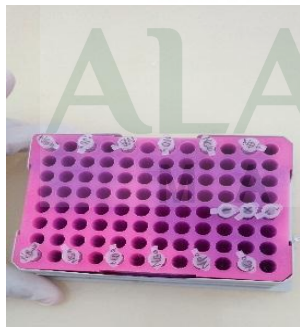
## 3. Ekstraksi

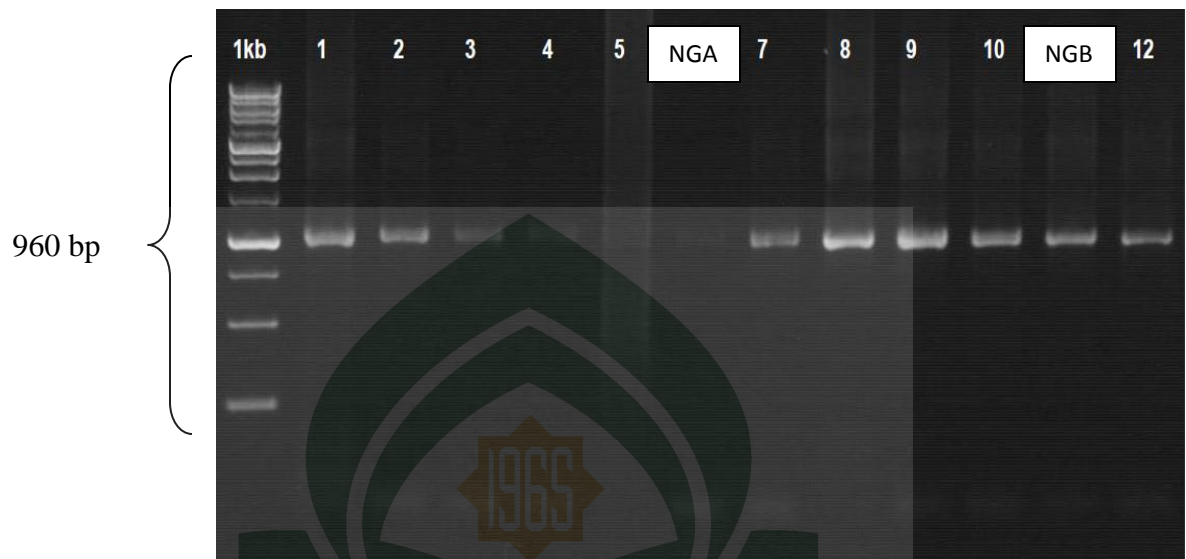


## 5. Elektroforesis



## 4. Mix PCR





Lane #	SampleName	SamType
1	NPa	Unpurified PCR Product
2	Nca	Unpurified PCR Product
3	Nba	Unpurified PCR Product
4	Nsa	Unpurified PCR Product
5	Noa	Unpurified PCR Product
6	Nga	Unpurified PCR Product
7	NCb	Unpurified PCR Product
8	NSb	Unpurified PCR Product
9	Nob	Unpurified PCR Product
10	NPb	Unpurified PCR Product
11	NGb	Unpurified PCR Product
12	NBb	Unpurified PCR Product

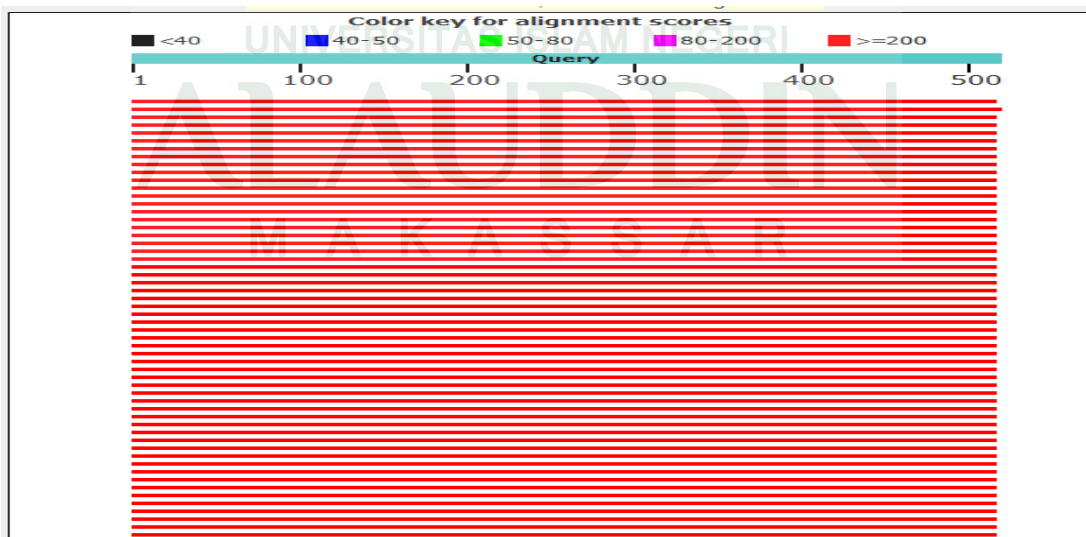
**Lampiran 3 (Urutan Basa Nukleotida, Sekuensing, dan Gambar Hasil Analisis BLAST ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)))**

1. Anjing Liar (*Canis lupus*) ras Herder

a. NGA (Sampel Saliva langsung anak Anjing Liar (*Canis lupus*) Herder)

```
TCCCCGGGCTCACCTGGGAAGTGCATTTGATACTGGTTAACTTGAGTG
CGGAAGAGGGGGGTGGAATTCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAT
ATCTGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGCTCCCTGGTACAATACTG
ACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTG
GTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTGTTGGCGCTTTTGAGG
CGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAATCCACCCGCGGGGGAAGCCG
GCCCCCAGGTTAAACCTCAGAGGATTTGGGGGGGCCCCCACAAGC
GGAGAATCTTGTGTTTTATTTTCATACGCCGCGAAAACCTTCCCCGGTCT
TGGTGTACGAATAATTTTCAAAGATTAGGCTGCCCTCCCGGACCCTG
AGACCTGCGCGGCTGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCGTGATATGTTGGGT
TAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCATCA
```

Job title: Nucleotide Sequence (520 letters)			
RID	SBW228YM01N (Expires on 08-30 09:01 am)		
Query ID	Id Query_182693		
Description	None		
Molecule type	nucleic acid		
Query Length	520		
Database Name	nr		
Description	Nucleotide collection (nt)		
Program	BLASTN 2.8.0+ <a href="#">Citation</a>		





	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Escherichia sp. clone VIT-SVMS 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	377	377	99%	2e-100	80%	<a href="#">KJ002646.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone AFEL3_aao13a10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	372	372	100%	8e-99	80%	<a href="#">EU771767.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone ncd1353h12c1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	370	370	99%	3e-98	80%	<a href="#">JF116690.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence, strain MB17-2</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">LC005852.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Enterobacteriaceae bacterium clone 0907_Mf_HT2_B4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">JQ516488.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Shigella boydii strain Inspire88 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">JQ315924.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone ncd1400c04c1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">JF121943.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain KWB09-639 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">HM194880.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone BB1_f05_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	366	366	99%	4e-97	80%	<a href="#">EU467815.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone 16saw46-2h01.w2ka</a>	364	364	99%	1e-96	80%	<a href="#">HE582475.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone PB2_aai21b12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	364	364	99%	1e-96	80%	<a href="#">EU60463.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone RP_3aaa01f08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	363	363	99%	5e-96	80%	<a href="#">EU471167.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone RP_1aaa03a05 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	363	363	99%	5e-96	80%	<a href="#">EU470713.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain FORC 064 chromosome, complete genome</a>	361	2484	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP022864.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Shigella flexneri 2a strain 1508 chromosome</a>	361	2450	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP030915.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain 05-3106 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP030778.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain 2013C-4143 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP030787.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain 07-3866 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP030781.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain TU-9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF179675.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain RM14715 chromosome, complete genome</a>	361	2480	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP027104.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Escherichia sp. clone 33 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF346112.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured Escherichia sp. clone 33 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF346112.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain 2015C-3905 chromosome, complete genome</a>	361	2445	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP027371.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Shigella boydii strain NCTC 9734 chromosome</a>	361	2478	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP026875.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain 1551-2 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025317.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain ChinaSP140150 chromosome, complete genome</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025678.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain SC516 chromosome, complete genome</a>	361	2484	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP025048.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain CH-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MG462768.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Shigella flexneri strain 71-2783 chromosome</a>	361	2482	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP024470.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain 2014C-4356 chromosome, complete genome</a>	361	2522	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP024282.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain PA45B, complete genome</a>	361	2487	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP021288.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain 13480 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">MF372554.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia coli strain 5CRE51, complete genome</a>	361	2473	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP021175.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150270 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765476.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150265 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765475.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150253 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765474.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765473.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150242 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765472.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150193 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765471.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain T20150298 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765467.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain T20150248 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765466.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150104 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765464.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150036 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765463.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150027 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765462.1</a>

<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150027 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765462.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain SP20150021 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765461.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain D20140513 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765459.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain ZG20140067 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765458.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain ZG20141049 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX765457.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain FORC_041, complete genome</a>	361	2484	99%	2e-95	80%	<a href="#">CP016628.1</a>
<a href="#">Cronobacter sakazakii strain CCFM831 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KJ206829.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain 108-4B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KX674018.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone D21013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">JX193345.2</a>
<a href="#">Escherichia albertii DNA, complete genome, strain: EC06-170</a>	361	2528	99%	2e-95	80%	<a href="#">AP014857.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii DNA, complete genome, strain: CB9786</a>	361	2517	99%	2e-95	80%	<a href="#">AP014856.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii DNA, complete genome, strain: NIAH_Bird_3</a>	361	2495	99%	2e-95	80%	<a href="#">AP014855.1</a>
<a href="#">Escherichia fergusonii strain RCB812 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KT261024.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain 3925586H 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KT333052.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain E16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KT027824.1</a>
<a href="#">Escherichia coli strain H-ESBL-40 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KT153190.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone KSR-CFL12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KR612060.1</a>
<a href="#">Uncultured bacterium clone RPR-CFL30 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KR612035.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain sp20140084 clone 16s32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KP197093.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain sp20140047 clone 16s31 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KP197092.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain sp20140148 clone 16s30 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KP197091.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain sp20140149 clone 16s29 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KP197090.1</a>
<a href="#">Escherichia albertii strain sp20140150 clone 16s26 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	361	361	99%	2e-95	80%	<a href="#">KP197089.1</a>

## Escherichia coli strain PA45B, complete genome

Sequence ID: [CP021288.1](#) Length: 5074754 Number of Matches: 7

Range 1: 229136 to 229656				GenBank	Graphics	▼ Next Match	▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand			
361 bits(195)	2e-95	421/529(80%)	20/529(3%)	Plus/Plus			
Features: <a href="#">rRNA-16S ribosomal RNA</a>							
Query 1		TCCCCGGGGCTC-ACCTGGGAAC	TGCATTTGATACTGGTTAACTTGAGTGC	CGGAAGAGGGG		59	
Sbjct 229136		TCCCCGGGGCTCAACCTGGGAAC	TGCATCTGATACTGGTAAGCTTGAGTCTCG	TAGAGGGG		229195	
Query 60		GGTGGAAATTC	CAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATA	TCTGGAGGAACACCGGATGGCGAA		119	
Sbjct 229196		GGTAGAATTC	CAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA			229255	
Query 120		GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGAT				178	
Sbjct 229256		GGCGGCCCTTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGAT				229314	
Query 179		TAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGTAG				236	
Sbjct 229315		TAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGTGCACTTGGAGGTTGTGCCC--TTGAG				229372	
Query 237		GCGTGTCTTCAGGAACAAACCCGAAAA-TCCACCCGCGGGGGAAGCCGGCCCCAGGTT				295	
Sbjct 229373		GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT				229431	
Query 296		AAAACTCAGAGGATTTGGGGGGGCCCCCAAGCGGAGAACTCTGTGTTTTATTTC-A				354	
Sbjct 229432		AAAA-CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGA				229490	
Query 355		TACGCCGCGAA-AACCTTCCCCGGTCTTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAAGATTAGGC				411	
Sbjct 229491		TGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA				229548	
Query 412		TGC-CCITCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGTAT				468	
Sbjct 229549		TGTGCTTTCGGGAACCGTGAGACAGGTCTGCAATGGC-TGTGCTACGTCGTGTTGTGAA				229607	
Query 469		ATGTTGGGTTAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA				517	
Sbjct 229608		ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCTTATCCTTTGTGGCA				229656	



Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
355 bits(192)	8e-94	420/529(79%)	20/529(3%)	Plus/Minus
Features: <u>rRNA-16S ribosomal RNA</u>				
Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAGTGCATTGATACTGGTTAACTTGAGTGC	59		
Sbjct 2832277	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGG	2832218		
Query 60	GGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA	119		
Sbjct 2832217	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA	2832158		
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	178		
Sbjct 2832157	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	2832099		
Query 179	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG	236		
Sbjct 2832098	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG	2832041		
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAAA-TCCACCCGCGGGGGGAAGCCGGCCCCAGGTT	295		
Sbjct 2832040	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT	2831982		
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAAATCTTGTGTTTTATTTC-A	354		
Sbjct 2831981	AAAAC-TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA	2831923		
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCCGGTCTTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAGATTAGGC	411		
Sbjct 2831922	TGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA	2831865		
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGAT	468		
Sbjct 2831864	TGTGCCCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCAATGGC-TGTCGTACGCTCGTGTGTGAA	2831806		
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA	517		
Sbjct 2831805	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCA	2831757		

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
355 bits(192)	8e-94	420/529(79%)	20/529(3%)	Plus/Minus
Features: <u>rRNA-16S ribosomal RNA</u>				
Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAGTGCATTGATACTGGTTAACTTGAGTGC	59		
Sbjct 3686111	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGG	3686052		
Query 60	GGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA	119		
Sbjct 3686051	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA	3685992		
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	178		
Sbjct 3685991	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	3685933		
Query 179	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG	236		
Sbjct 3685932	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG	3685875		
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAAA-TCCACCCGCGGGGGGAAGCCGGCCCCAGGTT	295		
Sbjct 3685874	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT	3685816		
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAAATCTTGTGTTTTATTTC-A	354		
Sbjct 3685815	AAAAC-TCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA	3685757		
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCCGGTCTTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAGATTAGGC	411		
Sbjct 3685756	TGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA	3685699		
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGAT	468		
Sbjct 3685698	TGTGCCCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCAATGGC-TGTCGTACGCTCGTGTGTGAA	3685640		
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA	517		
Sbjct 3685639	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCA	3685591		

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
355 bits(192)	8e-94	420/529(79%)	20/529(3%)	Plus/Plus
Features: <u>rRNA-16S ribosomal RNA</u>				
Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAGTGCATTGATACTGGTTAACTTGAGTGC	59		
Sbjct 4221243	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGG	4221302		
Query 60	GGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA	119		
Sbjct 4221303	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA	4221362		
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	178		
Sbjct 4221363	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT	4221421		
Query 179	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG	236		
Sbjct 4221422	TAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG	4221479		
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAAA-TCCACCCGCGGGGGGAAGCCGGCCCCAGGTT	295		
Sbjct 4221480	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT	4221538		
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAAATCTTGTGTTTTATTTC-A	354		
Sbjct 4221539	AAAA-CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA	4221597		
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCCGGTCTTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAGATTAGGC	411		
Sbjct 4221598	TGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA	4221655		
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGAT	468		
Sbjct 4221656	TGTGCCCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCAATGGC-TGTCGTACGCTCGTGTGTGAA	4221714		
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA	517		
Sbjct 4221715	ATGTTGGGTTAAGTCCCAGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTTGCCA	4221763		

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
355 bits(192)	8e-94	420/529(79%)	20/529(3%)	Plus/Plus
Features: <a href="#">rRNA-16S ribosomal RNA</a>				
Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGTTAACTT	GAGTGC	GGAAGAGGGG 59
Sbjct 4339640	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGCAAGCTT	GAGTCTCGTAGAGGGG	4339699
Query 60	GGTGGAAATCCAAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA			119
Sbjct 4339700	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA			4339759
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			178
Sbjct 4339760	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			4339818
Query 179	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG			236
Sbjct 4339819	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG			4339876
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAA-TCCACCCGCGGGGGAAGCCGCCCCCAGGTT			295
Sbjct 4339877	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT			4339935
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAATCTTGTGTTTTATTTC-A			354
Sbjct 4339936	AAAA-CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA			4339994
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCGGCTTGTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAAGATTAGGC			411
Sbjct 4339995	TGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA			4340052
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGTGAT			468
Sbjct 4340053	TGTGCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGC-TGTCGTGAGCTCGTGTGTGAA			4340111
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA			517
Sbjct 4340112	ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTGGCA			4340160

Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGTTAACTT	GAGTGC	GGAAGAGGGG 59
Sbjct 4514315	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGCAAGCTT	GAGTCTCGTAGAGGGG	4514374
Query 60	GGTGGAAATCCAAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA			119
Sbjct 4514375	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA			4514434
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			178
Sbjct 4514435	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			4514493
Query 179	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG			236
Sbjct 4514494	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG			4514551
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAA-TCCACCCGCGGGGGAAGCCGCCCCCAGGTT			295
Sbjct 4514552	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT			4514610
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAATCTTGTGTTTTATTTC-A			354
Sbjct 4514611	AAAA-CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA			4514669
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCGGCTTGTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAAGATTAGGC			411
Sbjct 4514670	TGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA			4514727
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGTGAT			468
Sbjct 4514728	TGTGCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGC-TGTCGTGAGCTCGTGTGTGAA			4514786
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA			517
Sbjct 4514787	ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTGGCA			4514835

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
348 bits(188)	1e-91	419/529(79%)	21/529(3%)	Plus/Plus
Features: <a href="#">rRNA-16S ribosomal RNA</a>				
Query 1	TCCCCGGGCTC-ACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGTTAACTT	GAGTGC	GGAAGAGGGG 59
Sbjct 4474147	TCCCCGGGCTCAACCTGGGAAC	TGCAATTTGATACTGGCAAGCTT	GAGTCTCGTAGAGGGG	4474205
Query 60	GGTGGAAATCCAAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATCTGGAGGAACACCGATGGCGAA			119
Sbjct 4474206	GGTAGAATTCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAA			4474265
Query 120	GGCAGCTCCCTGGTAC-AATACTGACGCTGATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			178
Sbjct 4474266	GGCGGCCCCCTGG-ACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAACAGGAT			4474324
Query 179	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGACGACTAGCTG-TTG-GCGCTTTTGAG			236
Sbjct 4474325	TAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCC--TTGAG			4474382
Query 237	GCGTGTCTTCAGGAACAAAACCCGAAAA-TCCACCCGCGGGGGAAGCCGCCCCCAGGTT			295
Sbjct 4474383	GCGTGGCTTCCGGAGCTAA-CGCGTTAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTT			4474441
Query 296	AAAACCTCAGAGGATTTgggggggCCCCCACAAGCGGAGAATCTTGTGTTTTATTTC-A			354
Sbjct 4474442	AAAA-CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGA			4474500
Query 355	TACGCCGCGAA-AACCTTCCCGGCTTGTGGTGT--ACGAATAATTTTCAAAAGATTAGGC			411
Sbjct 4474501	TGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGTCTTGACATCCACGGA-AGTTTTCAGA-GATGAGAA			4474558
Query 412	TGC-CCTCCCGGACCC-TGAGACCTGCGCGGC-TGGCGTCTCCTCATCTCGTGTCTGTGAT			468
Sbjct 4474559	TGTGCTTCGGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGC-TGTCGTGAGCTCGTGTGTGAA			4474617
Query 469	ATGTTGGGTTAAGTCCCGAGAGGAGCGCATCCCGTATTCTGAGTTGCCA			517
Sbjct 4474618	ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTATCCTTTGTGGCA			4474666

b. NGB (Sampel Swab Saliva anak Anjing liar (Canis lupus) ras Herder)

```
TGGGCGTAAGGGTGC GCAGGCGGTTTGTTAAGTCAGATGTGAAATCCC
CGGGCTCAACCTGGGAACTGCCTTTGAAACTGGATAGCTTGAGTGTGT
CAGAGGGGGGTAG AATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATG
TGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCCCTGGGATAAACTGACG
CTCATGCCCCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
GTCCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG
```

Job title: Nucleotide Sequence (271 letters)				
RID	SBX5F3Y301N (Expires on 08-30 09:19 am)			
Query ID	Id Query_222971			
Description	None			
Molecule type	nucleic acid			
Query Length	271			
Database Name	nr			
Description	Nucleotide collection (nt)			
Program	BLASTN 2.8.0+ <a href="#">▶ Citation</a>			



	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_SL6sqIBF01 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	435	435	100%	5e-118	96%	<a href="#">JQ206795.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnOr_02DSL4aOB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	435	435	100%	5e-118	96%	<a href="#">JQ204885.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Neisseria dumasiana strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">MH382952.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Neisseria sp. strain 124861 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417830.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Neisseria sp. strain 114725 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417829.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Neisseria sp. strain 93087 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">KY417828.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_12GSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206333.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_11ESL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206323.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_09DSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206310.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_07GSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206299.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_06ESL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206289.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_06DSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206288.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_06CSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206287.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_06ASL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206285.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_05FSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206282.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_05DSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206281.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_05CSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206280.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_03GSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206270.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_03FSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206269.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_01GSL3GB 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206257.1</a>
<input type="checkbox"/>	<a href="#">Uncultured bacterium clone SlnGs_SL3gastric6H04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>	429	429	100%	2e-116	95%	<a href="#">JQ206256.1</a>

## Neisseria dumasiana strain M18-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

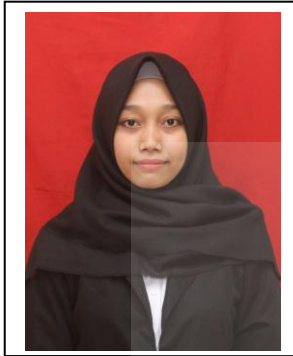
Sequence ID: [MH382952.1](#) Length: 1406 Number of Matches: 1

Range 1: 509 to 780 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
429 bits(232)	2e-116	259/272(95%)	1/272(0%)	Plus/Plus
Query 1	TGGGCGT-AAGGGTGCAGGCGGTTTGTAAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACC	59		
Sbjct 509	TGGGCGTAAAGCGGGCGCAGACGGTTACTTAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACC	568		
Query 60	TGGGAACCTGCCTTTGAAACTGGATAGCTTGAGTGTGTGAGAGGGGGGTAGAATTCCACGT	119		
Sbjct 569	TGGGAACCTGCGTTTGAAACTGGGTAGCTAGAGTATGTGAGAGGGGGGTAGAATTCCACGT	628		
Query 120	GTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCCCTGGGA	179		
Sbjct 629	GTAGCAGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAATACCGATGGCGAAGGCAGCCCCCTGGGA	688		
Query 180	TAAACTGACGCTCATGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGT	239		
Sbjct 689	TAATACTGACGTTTATGCCCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGT	748		
Query 240	CCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG	271		
Sbjct 749	CCACGCCCTAAACGATGTCAATTAGCTGTTGG	780		

## RIWAYAT HIDUP



Penulis dilahirkan dilahirkan di Ujung Pandang pada Tanggal 17 Mei 1996. Dan diberi Nama Zulfiana Machmud. Penulis dilahirkan dalam keluarga sederhana dari pasangan suami istri **Machmud** dan **Hj. Sutra**. Penulis berasal dari Kel. Paccinongang, Kec. Somba Opu, Kab Gowa provinsi Sulawesi Selatan. Penulis adalah anak kedua dari tiga bersaudara. Riwayat pendidikan yaitu, Alumni dari TK Mawar Tahun 2002, Melanjutkan kebangku SDN Pa'bangiang selesai Tahun 2008, lalu penulis melanjutkan SLTP di SMP Negeri 3 Sungguminasa (Romong Polong). Setelah tiga tahun penulis berada di bangku SLTA di SMA Negeri 2 Sungguminasa. Penulis kemudian melangkah ke Perguruan Tinggi Negeri di Makassar yaitu **Universitas Islam Negeri (UIN) Alauddin Makassar** melalui jalur SNMPTN Tahun 2014, **Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi**.

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI  
**ALAUDDIN**  
M A K A S S A R